



**Bescheinigung**

Die Übereinstimmung der angehefteten Unterlagen der Offenlegungsschrift-  
DE 3920282 mit der in der Bibliothek des Deutschen Patent- und Markenamts  
vorhandenen Originalvorlage wird bestätigt.

Aktenzeichen: P 39 20 282.8

München, den 30. Juli 1999

Im Auftrag

A handwritten signature in dark ink, appearing to read "Weihmayr".

Weihmayr

08/383-1076 COM 4  
#45



Europäisches  
Patentamt

European  
Patent Office

Office européen  
des brevets

Bescheinigung

Certificate

Attestation

Die angehefteten Unterla-  
gen stimmen mit der  
ursprünglich eingereichten  
Fassung der auf dem näch-  
sten Blatt bezeichneten  
europäischen Patentanmel-  
dung überein.

The attached documents  
are exact copies of the  
European patent application  
described on the following  
page, as originally filed.

Les documents fixés à  
cette attestation sont  
conformes à la version  
initialement déposée de  
la demande de brevet  
européen spécifiée à la  
page suivante.

Patentanmeldung Nr. Patent application No. Demande de brevet n°

90106624.1

Der Präsident des Europäischen Patentamts:  
Im Auftrag

For the President of the European Patent Office

Le Président de l'Office européen des brevets  
p.o.

W. Claessens



Europäisches  
Patentamt

European  
Patent Office

Office européen  
des brevets

**Blatt 2 der Bescheinigung**  
**Sheet 2 of the certificate**  
**Page 2 de l'attestation**

Anmeldung Nr.:  
Application no.: 90106624.1  
Demande n°:

Anmeldetag:  
Date of filing: 06/04/90  
Date de dépôt:

Anmelder:  
Applicant(s):  
Demandeur(s):  
SYNERGEN, INC.  
Boulder CO 80301  
UNITED STATES OF AMERICA

Bezeichnung der Erfindung:  
Title of the invention:  
Titre de l'invention:  
TNF-Rezeptor, TNF bindende Proteine und dafür kodierende DNAs

In Anspruch genommene Priorität(en) / Priority(ies) claimed / Priorité(s) revendiquée(s)

Staat: DE  
State: DE  
Pays: DE

Tag: 21/04/89  
Date: 21/06/89  
Date:

Aktenzeichen:  
File no.  
Numéro de dépôt:

DEA 3913101  
DEA 3920282

Internationale Patentklassifikation:  
International Patent classification:  
Classification internationale des brevets:  
C12N15/12, C12P21/02, C07K13/00, A61K37/02

Am Anmeldetag benannte Vertragsstaaten:  
Contracting states designated at date of filing: AT/BE/CH/CY/DE/DK/ES/FI/FR/GB/GR/IE/IT/LI/LU/MC/NL/PT/SE  
Etats contractants désignés lors du dépôt:

Bemerkungen:  
Remarks:  
Remarques:

11 03 04 90

2

1

BOEHRINGER INGELHEIM INTERNATIONAL GMBH  
D-6507 Ingelheim am Rhein

TNF-Rezeptor, TNF bindende Proteine und dafür  
kodierende DNAs



Die Erfindung bezieht sich auf einen TNF-Rezeptor sowie auf ein TNF bindendes Protein.

Tumornekrosefaktor (TNF- $\alpha$ ) wurde erstmals im Serum von Mäusen und Kaninchen gefunden, die mit *Bacillus Calmette-Guerin* infiziert und denen Endotoxin injiziert worden war, und auf Grund seiner cytotoxischen und Antitumoreigenschaften erkannt (Carswell et al., 1975). Er wird vor allem von aktivierten Makrophagen und Monozyten produziert. Zahlreiche Zelltypen, die Ziele für TNF sind, weisen Oberflächenrezeptoren mit hoher Affinität für dieses Polypeptid auf (Old et al., 1987); es wurde angenommen, daß Lymphotoxin (TNF- $\beta$ ) an denselben Rezeptor bindet (Aggarwal et al., 1985, Gullberg et al., 1987). TNF- $\alpha$  ist identisch mit einem als Cachectin bezeichneten Faktor (Beutler et al., 1985), der die Lipoproteinlipase unterdrückt und bei chronisch-entzündlichen und malignen Erkrankungen zur Hypertriglyceridämie führt (Torti et al., 1985, Mahoney et al., 1985). TNF- $\alpha$  dürfte an der Regulation des Wachstums sowie an der Differenzierung und Funktion von Zellen, die bei Entzündungen, Immunvorgängen und Hämatopoese eine Rolle spielen, beteiligt sein.

TNF kann auf den Wirtsorganismus durch Stimulation von Neutrophilen (Shalaby et al., 1985, Klebanoff et al., 1986) und Monocyten sowie durch Hemmung der Replikation von Viren (Mestan et al., 1986, Wong et al., 1986) eine positive Wirkung ausüben. Darüberhinaus aktiviert TNF- $\alpha$  die Immunabwehr gegen Parasiten und wirkt direkt und/oder indirekt als Mediator bei Immunreaktionen, entzündlichen Prozessen und anderen Vorgängen im Organismus, wobei die Wirkmechanismen in vielen Fällen noch ungeklärt sind.

Die Verabreichung von TNF- $\alpha$  (Cerami et al., 1988) kann jedoch auch von schädlichen Erscheinungen (Tracey et

al., 1986) wie Schock- und Gewebeschädigungen begleitet sein, die durch Antikörper gegen TNF- $\alpha$  aufgehoben werden können (Tracey et al., 1987). Eine Reihe von Beobachtungen läßt auf eine Rolle von endogen freigesetztem TNF- $\alpha$  bei verschiedenen pathologischen Zuständen schließen. So scheint TNF- $\alpha$  ein Mediator der Kachexie zu sein, die bei chronisch-invasiven, z.B. parasitären Erkrankungen auftreten kann. TNF- $\alpha$  scheint auch eine wesentliche Rolle bei der Pathogenese des durch gram-negative Bakterien verursachten Schocks (Endotoxin-Schock) zu spielen; er dürfte an einigen, wenn nicht allen Wirkungen von Lipopolysacchariden beteiligt sein (Beutler et al., 1988). Ebenso wurde eine Funktion von TNF bei den im Rahmen von entzündlichen Prozessen in Gelenken und anderen Geweben auftretenden Gewebeschädigungen sowie bei der Letalität und Morbidität der Graft-versus-host reaction (GVHR, Transplantat-Abstoßung (Piguet et al., 1987) postuliert. Auch wurde ein Zusammenhang zwischen der Konzentration von TNF im Serum und dem tödlichen Ausgang von Meningokokkenenerkrankungen berichtet (Waage et al., 1987).

Weiters wurde beobachtet, daß die Verabreichung von TNF- $\alpha$  über einen längeren Zeitraum einen Zustand von Anorexie und Auszehrung verursacht, die eine ähnliche Symptomatik aufweist wie die Kachexie, die mit neoplastischen und chronischen infektiösen Erkrankungen einhergeht (Oliff et al., 1987).

Es wurde über eine TNF inhibierende Aktivität eines Proteins aus dem Harn von Fieberpatienten berichtet, von dessen Wirkung vermutet wird, daß sie auf einen kompetitiven Mechanismus auf Rezeptorebene selbst (ähnlich der Wirkung des Interleukin-1 Inhibitors (Seckinger et al., 1987)) zurückzuführen ist (Seckinger

et al., 1988).

In der EP-A2 308 378 wird ein TNF inhibierendes Protein beschrieben, das aus menschlichem Harn gewonnen wurde. Seine Wirkung wurde im Harn gesunder und kranker Personen nachgewiesen und aufgrund der Fähigkeit bestimmt, die Bindung von TNF- $\alpha$  an seine Rezeptoren auf humanen HeLa Zellen und FS 11 Fibroblasten sowie die zytotoxische Wirkung von TNF- $\alpha$  auf murine A9 Zellen zu inhibieren. Das Protein wurde im wesentlichen zur Homogenität gereinigt und durch seinen N-Terminus charakterisiert. In dieser Patentveröffentlichung werden zwar grundsätzlich mögliche Wege dargelegt, zur für das Protein kodierenden DNA und zum rekombinanten Protein zu gelangen; es werden jedoch keine konkreten Angaben gemacht, welcher der theoretisch möglichen Lösungswege zum Ziel führt.

In Vorversuchen zur vorliegenden Erfindung konnte aus Dialyseharn von Urämiepatienten ebenfalls ein Protein identifiziert werden, das die biologischen Wirkungen von TNF- $\alpha$  hemmt, indem es durch Wechselwirkung mit TNF- $\alpha$  dessen Bindung an seinen Zelloberflächenrezeptor verhindert (Olsson et al., 1988). Von diesem Protein wurde auch eine Affinität zu TNF- $\beta$  festgestellt.

Die Anwesenheit dieses Proteins (im folgenden TNF-BP genannt) im konzentrierten Dialyseharn wurde durch Kompetition mit der Bindung von radioaktiv markiertem rekombinantem TNF- $\alpha$  an einen Subklon von HL-60 Zellen nachgewiesen, wobei der Einfluß von dialysiertem Harn auf die Bindung von  $^{125}\text{I}$ -TNF- $\alpha$  an die Zellen gemessen wurde. Die durchgeführten Bindungsversuche zeigten eine dosisabhängige Hemmung der TNF- $\alpha$ -Bindung an die Zelle durch konzentrierten Dialyseharn (die Möglichkeit der Interpretation, daß die beobachtete Verringerung der

Bindung durch gegebenenfalls im Harn vorhandenen TNF- $\alpha$  selbst oder TNF- $\beta$ , der um die Bindung konkurriert, verursacht werden könnte, wurden durch den Befund, daß die Verringerung der Bindung durch Anwendung von TNF- $\alpha$ - und TNF- $\beta$ -Antikörpern nicht aufgehoben werden konnte, ausgeschlossen).

In analoger Weise wurde in Vorversuchen zur vorliegenden Erfindung nachgewiesen, daß TNF-BP auch Affinität zu TNF- $\beta$  aufweist, sie beträgt ca. 1/50 seiner Affinität zu TNF- $\alpha$ .

Mittels Gelchromatographie auf Sephacryl 200 wurde festgestellt, daß eine Substanz im Harn und Serum von Dialysepatienten sowie im Serum von gesunden Personen mit rekombinantem TNF- $\alpha$  einen Komplex mit einem Molekulargewicht von ca. 75 000 bildet.

TNF-BP wurde aus mehreren Proben Dialyseharn von Urämiepatienten durch partielle Reinigung mittels Druckultrafiltration, Ionenaustauschchromatographie und Gelchromatographie 62fach angereichert.

Die erhaltenen Präparationen wurden zum Nachweis der biologischen Aktivität von TNF-BP durch Hemmung der wachstumshemmenden Wirkung von TNF- $\alpha$  auf HL-60-10 Zellen verwendet. Es zeigte sich eine dosisabhängige Wirkung von TNF-BP auf die biologische Wirkung von TNF- $\alpha$ . Es wurde weiters das Bindungsverhalten von Zellen durch Vorbehandlung mit TNF-BP und ausschließendem Kompetitionsbindungstest untersucht. Dabei wurde nachgewiesen, daß Vorbehandlung der Zellen mit TNF-BP die Bindung von TNF- $\alpha$  an die Zelle nicht beeinträchtigt. Dies zeigt, daß die Wirkung von TNF-BP nicht auf seiner etwaigen Bindung an die Zelle und Konkurrenzierung mit TNF- $\alpha$  um die Bindung an den

Rezeptor beruht.

Das im wesentlichen homogene Protein wurde in hochgereinigter Form erhalten, indem Harn von Dialysepatienten durch Ultrafiltration konzentriert, der konzentrierte Harn dialysiert und zunächst in einem ersten Reinigungsschritt mittels DEAE-Sephacel-Chromatographie auf das Vierfache angereichert wurde. Die weitere Anreicherung erfolgte mittels Affinitätschromatographie durch an Sepharose gebundenen TNF- $\alpha$ . Die Endreinigung wurde mittels Reverse Phase Chromatographie (FPLC) durchgeführt.

Es konnte gezeigt werden, daß das im wesentlichen hochgereinigte Protein die zytotoxische Wirkung von TNF- $\alpha$  auf WEHI 164 Klon 13 Zellen hemmt (Olsson et al., 1989).

Vom im wesentlichen hochgereinigten Protein wurde die N-terminale Aminosäuresequenz aufgeklärt. Sie wurde mit Asp-Ser-Val-Xaa-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln- (Hauptsequenz) bestimmt (daneben wurde in Spuren die folgende N-terminale Sequenz nachgewiesen: Leu-(Val)-(Pro)-(His)-Leu-Gly-Xaa-Arg-Glu- (Nebensequenz)). Der Vergleich der Hauptsequenz mit der N-terminalen Sequenz des in der EP-A2 308 378 geoffenbarten TNF inhibierenden Proteins zeigt die Identität der beiden Proteine.

Es wurde folgende Aminosäurezusammensetzung, angegeben in Mol-Aminosäure pro Mol Protein und in Mol % Aminosäure, bestimmt als Mittelwert einer 24- und 48-stündigen Hydrolyse, ermittelt:

	Mol Aminosäure/ Mol Protein	Mol % Aminosäure
-----		
Asp + Asn	27,5	10,9
Thr	15,8	6,3
Ser	20,7	8,2
Glu + Gln	35,0	13,8
Pro	9,5	3,8
Gly	16,0	6,3
Ala	4,2	1,7
Cys	32,3	12,8
Val	10,8	4,3
Met	1,1	0,4
Ile	7,0	2,8
Leu	20,2	8,0
Tyr	6,1	2,4
Phe	8,1	3,2
His	11,1	4,4
Lys	15,7	6,2
Arg	11,8	4,7
-----		
Total	252,9	100
=====		

Ein Gehalt an Glukosamin wurde mittels Aminosäureanalyse nachgewiesen. Die Ergebnisse eines mit Concanavalin A und Weizenkeimlektin durchgeführten Affinoblots zeigten ebenfalls, daß es sich bei TNF-BP um ein Glykoprotein handelt.

Das im wesentlichen homogene Protein wurde tryptisch verdaut und von 17 der erhaltenen Spaltpeptide die Aminosäuresequenzen bestimmt. Weiters wurde der C-Terminus analysiert.

TNF-BP kommt offensichtlich die Funktion eines

Regulators der TNF-Aktivität mit der Fähigkeit zu, die Konzentrationsänderungen von freiem, biologisch aktivem TNF- $\alpha$  abzupuffern. TNF-BP dürfte auch die Ausscheidung von TNF durch die Niere beeinflussen, weil der mit TNF gebildete Komplex, dessen Molekulargewicht mittels Gelpermeationschromatographie auf Sephadex G 75 mit ca. 75000, bestimmt wurde, im Gegensatz zu TNF offensichtlich nicht durch den Glomerulus zurückgehalten wird.

Das TNF-BP wurde aus dem Harn von Dialysepatienten als eine von drei Hauptproteinkomponenten, die Affinität zu TNF aufweisen und die gemeinsam mit TNF-BP von der TNF-Affinitätschromatographiesäule eluieren, nachgewiesen. Die beiden anderen Proteine binden jedoch offensichtlich in einer Weise, die die Bindung von TNF- $\alpha$  an seinen Zelloberflächenrezeptor nicht beeinträchtigt.

Die zur biologischen Wirkung des TNF-BP erhaltenen Ergebnisse, insbesondere der Vergleich der Bindungskonstante mit der für den TNF-Rezeptor beschriebenen Bindungskonstante (Creasey et al., 1987) lieferten einen ersten Hinweis dafür, daß es sich bei diesem Protein um den löslichen Teil eines TNF-Rezeptors handeln könnte.

Auf Grund seiner Fähigkeit, die biologische Wirkung von TNF- $\alpha$  und TNF- $\beta$  zu inhibieren, ist das TNF bindende Protein geeignet, bei Indikationen eingesetzt zu werden, bei denen eine Herabsetzung der TNF-Aktivität im Organismus angezeigt ist. Geeignet zur Anwendung bei diesen Indikationen sind auch Derivate oder Fragmente des TNF bindenden Proteins mit der Fähigkeit, die biologische Wirkung von TNF zu inhibieren.

TNF-BP (bzw. seine funktionellen Derivate oder aktiven Fragmente) kann zur prophylaktischen und therapeutischen Behandlung des menschlichen oder tierischen Körpers bei Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF- $\alpha$  auftritt, eingesetzt werden. Zu diesen Erkrankungen zählen insbesondere entzündliche sowie infektiöse und parasitäre Erkrankungen oder Schockzustände, bei denen endogenes TNF- $\alpha$  freigesetzt wird, weiters Kachexie, GVHR, ARDS (Adult Respiratory Distress Symptom) und Autoimmunerkrankungen wie Rheumatoide Arthritis, etc. Es sind darunter auch pathologische Zustände zu verstehen, die als Nebenwirkungen bei der Therapie mit TNF- $\alpha$ , besonders bei hoher Dosierung, auftreten können, z.B. schwere Hypotension oder Störungen des Zentralnervensystems.

Auf Grund seiner TNF bindenden Eigenschaften ist TNF-BP auch als Diagnostikum für die Bestimmung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$  geeignet, z.B. als eine der Komponenten in Radioimmunoassays oder Enzymimmunoassays, gegebenenfalls zusammen mit Antikörpern gegen TNF.

Auf Grund seiner Eigenschaften ist dieses Protein ein pharmakologisch wertvoller Wirkstoff, der aus natürlichen Quellen nicht in ausreichender Menge mittels proteinchemischer Methoden darstellbar ist.

Es bestand daher das Bedürfnis, dieses Protein (bzw. verwandte Proteine mit der Fähigkeit, TNF zu binden) auf rekombinantem Weg herzustellen, um es für die therapeutische Anwendung in ausreichender Menge zur Verfügung zu stellen.

Unter der "Fähigkeit, TNF zu binden" ist im Rahmen der vorliegenden Erfindung die Eigenschaft eines Proteins



zu verstehen, an TNF- $\alpha$  derart zu binden, daß die Bindung von TNF- $\alpha$  an den funktionellen Teil des Rezeptors verhindert und die Wirkung von TNF- $\alpha$  im menschlichen oder tierischen Organismus gehemmt oder aufgehoben wird. Durch diese Definition ist die Fähigkeit eines Proteins, auch an andere Proteine, z.B. an TNF- $\beta$ , zu binden und deren Wirkung inhibieren zu können, mit eingeschlossen.

Der vorliegenden Erfindung lag die Aufgabe zugrunde, die für TNF-BP kodierende DNA zur Verfügung zu stellen, um auf deren Basis die Herstellung rekombinanter DNA-Moleküle zu ermöglichen, mit denen geeignete Wirtsorganismen transformiert werden können, um TNF-BP bzw. funktionelle Derivate und Fragmente davon zu produzieren.

Im Rahmen dieser Aufgabenstellung sollte auch festgestellt werden, ob es sich beim TNF-BP um den löslichen Teil eines TNF-Rezeptors handelt. Diese Annahme wurde bestätigt, womit die Grundlage für die Aufklärung der Rezeptorsequenz geschaffen war.

Eine weitere Aufgabenstellung im Rahmen der vorliegenden Erfindung bestand in der Bereitstellung der für einen TNF-Rezeptor kodierenden cDNA für die Herstellung von rekombinantem humanem TNF-Rezeptor.

Das Vorhandensein eines spezifischen Rezeptors mit hoher Affinität zu TNF- $\alpha$  auf verschiedenen Zelltypen wurde von mehreren Arbeitsgruppen gezeigt. Kürzlich wurde erstmals von der Isolierung und vorläufigen Charakterisierung eines TNF- $\alpha$  Rezeptors berichtet (Stauber et al., 1988). Da die Bindung von radioaktiv markiertem TNF- $\alpha$  durch einen Überschuß an TNF- $\beta$  aufgehoben werden kann (Aggarwal et al., 1985), wurde

vorgeschlagen, daß TNF- $\alpha$  und TNF- $\beta$  einen gemeinsamen Rezeptor teilen. Da jedoch andererseits gezeigt werden konnte, daß bestimmte Zelltypen, die auf TNF- $\alpha$  ansprechen, gegen TNF- $\beta$  teilweise oder gänzlich unempfindlich sind (Locksley et al., 1987), wurde die Existenz eines gemeinsamen Rezeptors wieder in Zweifel gezogen.

Im Gegensatz dazu scheinen kürzlich erhaltene Ergebnisse zu den Bindungseigenschaften von TNF- $\beta$  an Rezeptoren die Theorie eines gemeinsamen Rezeptors wieder zu erhärten (Stauber et al., 1989), wobei in dieser Arbeit vorgeschlagen wird, daß zwischen TNF- $\alpha$  und TNF- $\beta$  Unterschiede hinsichtlich der Wechselwirkung mit dem Rezeptor bzw. zusätzlich hinsichtlich der in der Zelle nach der Ligand-Rezeptorwechselwirkung eintretenden Ereignisse bestehen.

Kürzlich wurde von einem weiteren TNF bindenden Protein berichtet, von dem vermutet wird, daß es sich dabei um die lösliche Form eines anderen TNF-Rezeptors handelt (Engelmann et al., 1990).

Die Verfügbarkeit der für einen TNF-Rezeptor kodierenden DNA stellt die Voraussetzung für die Herstellung von rekombinantem Rezeptor und damit u.a. eine wesentliche Erleichterung für die Durchführung vergleichender Untersuchungen verschiedener Zelltypen auf ihre(n) TNF- $\alpha$ - und/oder TNF- $\beta$ -Rezeptor(en) bzw. auf die durch die Bindung von TNF an den Rezeptor in der Zelle ausgelösten Reaktionen dar. Dadurch wird weiters die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur des Rezeptors ermöglicht und damit die Voraussetzung für ein rationales Design für die Entwicklung von Agonisten und Antagonisten der TNF-Wirkung geschaffen.

Bei der Lösung der gestellten Aufgabe wurde von der Feststellung ausgegangen, daß das Durchsuchen von cDNA-Bibliotheken mit Hilfe von Hybridisierungssonden, die von Aminosäuresequenzen kurzer Peptide abgeleitet sind, auf Grund der Degeneration des genetischen Codes mitunter auf größere Schwierigkeiten stößt. Zusätzlich erschwert wird diese Vorgangsweise dann, wenn von einem Protein, wie z.B. dem TNF-BP, nicht bekannt ist, in welchen Geweben es synthetisiert wird. In diesem Fall kann bei einem Versagen dieser Methode unter Umständen nicht mit Bestimmtheit festgestellt werden, ob es auf die Wahl einer ungeeigneten cDNA-Bibliothek oder auf die zu geringe Spezifität der Hybridisierungssonden zurückzuführen ist.

Um die für TNF-BP kodierende DNA zu erhalten, wurde daher zunächst erfindungsgemäß wie folgt vorgegangen:

Als cDNA-Bibliothek wurde eine Bibliothek der Fibrosarkomzelllinie HS913 T, die mit TNF $\alpha$  induziert worden war und in  $\lambda$  gtl1 vorlag, eingesetzt. Um aus dieser Bibliothek  $\lambda$  DNA mit TNF-BP Sequenzen zu erhalten, wurde die große Empfindlichkeit der Polymerase Kettenreaktion (PCR, (Saiki, 1988)) ausgenutzt. (Mit Hilfe dieser Methode kann aus einer gesamten cDNA-Bibliothek eine unbekannte DNA-Sequenz erhalten werden, die flankiert ist von Oligonukleotiden, die auf Basis bekannter Aminosäureteilsequenzen entworfen und als Primer eingesetzt wurden. Ein solches längeres DNA-Fragment kann nachfolgend als Hybridisierungssonde, z.B. zur Isolierung von cDNA-Klonen, insbesondere des ursprünglichen cDNA-Klons, eingesetzt werden).

Auf Basis der N-terminalen Aminosäuresequenz (Hauptsequenz) und Aminosäuresequenzen von tryptischen

Peptiden, die vom hochgereinigten TNF-BP erhalten worden waren, wurden Hybridisierungs sonden hergestellt. Mit Hilfe dieser Sonden wurde mittels PCR aus der cDNA-Bibliothek HS913T eine cDNA, die einen Teil der für TNF-BP kodierenden cDNA darstellt, erhalten. Diese cDNA weist die folgende Nukleotidsequenz auf:

CAG GGG AAA TAT ATT CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT  
ACC AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA  
GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC  
TCC TTC ACA GCC TCA GAA AAC AAC AAG .

Diese DNA stellt eine von möglichen Varianten dar, die geeignet sind, mit TNF-BP-DNAs bzw. TNF-BP-RNAs zu hybridisieren (solche Varianten umfassen z.B. diejenigen DNA-Moleküle, die durch PCR-Amplifikation mit Hilfe von Primern erhalten werden, deren Nukleotidsequenz nicht exakt mit der gesuchten Sequenz übereinstimmt, etwa aufgrund von zu Klonierungszwecken vorgesehenen Restriktionsschnittstellen oder aufgrund von bei der Aminosäuresequenzanalyse etwa nicht eindeutig ermittelten Aminosäuren). Unter "TNF-BP-DNAs" bzw. "TNF-BP-RNAs" sind Nukleinsäuren zu verstehen, die für TNF-BP bzw. verwandte Proteine mit der Fähigkeit, TNF zu binden kodieren bzw. die für ein solches Protein kodierende Sequenz enthalten.

Unter TNF-BP-DNAs (bzw. TNF-BP-RNAs) sind auch cDNAs, abgeleitet von mRNAs, die durch alternatives Splicing entstanden sind (bzw. diese mRNAs selbst); mitumfaßt. Unter "alternativem Splicing" wird die Entfernung von Introns verstanden, bei der vom gleichen mRNA-Precursor verschiedene Spliceacceptor- und/oder Splicedonorstellen verwendet werden. Die dabei entstehenden mRNAs unterscheiden sich voneinander durch das gänzliche oder teilweise Vorhandensein oder Fehlen

von bestimmten Exonsequenzen, wobei es gegebenenfalls zu einer Verschiebung des Leserasters kommen kann.

Die erfindungsgemäß zunächst erhaltene, einen Teil der für TNF-BP kodierenden Sequenz enthaltende cDNA (bzw. Varianten davon) kann somit als Hybridisierungssonde verwendet werden, um aus cDNA-Bibliotheken cDNA-Klone, enthaltend TNF-BP-DNAs, zu erhalten. Weiters kann sie als Hybridisierungssonde für mRNA-Präparationen eingesetzt werden, um TNF-BP-RNAs zu isolieren und daraus z.B. angereicherte cDNA-Bibliotheken herzustellen, die ein wesentlich vereinfachtes und effizienteres Screening ermöglichen. Ein weiteres Anwendungsgebiet ist die Isolierung der gewünschten DNAs aus genomischen DNA-Bibliotheken mit Hilfe dieser DNAs als Hybridisierungssonden.

Die oben definierte DNA (bzw. ihre Varianten) ist in der Lage, mit DNAs (bzw. RNAs) zu hybridisieren, die für TNF-BP kodieren bzw. die für TNF-BP kodierende Sequenz enthalten. Mit Hilfe dieser DNA als Sonde können auch cDNAs erhalten werden, die für Proteine kodieren, deren Prozessierung TNF-BP ergibt. Unter Prozessierung ist die in vivo Abspaltung von Teilsequenzen zu verstehen. Dabei kann es sich N-terminal um die Signalsequenz und/oder andere Sequenzen und gegebenenfalls zusätzlich C-terminal um die transmembrane und zytoplasmatische Region des Rezeptors handeln. Mit Hilfe dieser Hybridisierungssonde ist es daher möglich, geeignete cDNA-Bibliotheken auf das Vorhandensein von cDNA, die die vollständige für einen TNF-Rezeptor kodierende Sequenz enthält, zu durchsuchen (dieser Vorgang kann erforderlichenfalls in mehreren Schritten erfolgen).

Erfindungsgemäß wurde die cDNA der oben definierten

Sequenz, die mittels PCR aus der cDNA-Bibliothek der TNF- $\alpha$  induzierten Fibrosarkomzelllinie HS913 T (in  $\lambda$  gt11) erhalten worden war, zum nochmaligen Durchsuchen der cDNA-Bibliothek verwendet, von den hybridisierenden Klonen die Lambda-DNA präpariert, subkloniert und sequenziert. Es wurde ein 1334 Basen langes cDNA Insert erhalten, das die für TNF-BP kodierende Sequenz enthält.

Es wurden somit zunächst DNAs, kodierend für ein Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden, bzw. für ein Polypeptid, von dem dieses TNF bindende Protein eine Teilsequenz darstellt, bereitgestellt. Darunter sind auch solche DNAs zu verstehen, die für Teile dieser Polypeptide kodieren.

Die vollständige Nukleotidsequenz des längsten erhaltenen cDNA-Inserts ist in Fig.1 abgebildet.

Diese Nukleotidsequenz weist einen durchgehenden offenen Leserahmen auf, beginnend mit Base 213, bis zum Ende des 1334 bp langen cDNA Inserts. Da sich in demselben Leserahmen 4 Codons vor dem potentiellen Translationsstartcodon ATG (213-215) ein Stopcodon (TAG) befindet, wurde davon ausgegangen, daß es sich bei dem Startcodon tatsächlich um den in vivo verwendeten Translationsstart handelt.

Der Vergleich der von der Nukleotidsequenz abgeleiteten Aminosäuresequenz mit den Aminosäuresequenzen, die vom aminoterminalen Ende von TNF-BP und von tryptischen Peptiden bestimmt worden waren, zeigt hohe Übereinstimmung. Daraus ergibt sich, daß die isolierte cDNA die für das authentische TNF-BP kodierende Sequenz enthält.

Vom N-Terminus ausgehend ist die erste Sequenz, die eine Übereinstimmung mit einer tryptischen Spaltpeptidsequenz zeigt, die Sequenz von Fraktion 12 (Leu-Val-Pro-...), die auch als Nebensequenz bei der Analyse des N-Terminus von TNF-BP erhalten worden war. Dieses N-terminale Leucin entspricht der 30. Aminosäure in der cDNA Sequenz. Da der vorangehende Abschnitt von 29 Aminosäuren einen stark hydrophoben Charakter aufweist und es sich bei TNF-BP um ein sekretiertes Protein handelt, kann gefolgert werden, daß diese 29 Aminosäuren das für den Sekretionsvorgang benötigte Signalpeptid darstellen, das bei der Sekretion abgespalten wird (in Figur 1 mit S1-S29 bezeichnet). Die als Hauptsequenz bei der N-terminalen Analyse von TNF-BP erhaltene Aminosäuresequenz entspricht den Aminosäuren beginnend mit Asp-12 in der cDNA Sequenz. Dieser Asparaginsäurerest folgt direkt dem basischen Dipeptid Lys-Arg. Da nach diesem Dipeptid in vivo sehr viele Proteine proteolytisch gespalten werden, ist anzunehmen, daß TNF-BP mit N-terminalem Asp nicht direkt durch Prozessierung eines Precursors beim Sekretionsvorgang entsteht, sondern daß vom prozessierten Protein die N-terminalen 11 Aminosäuren zu einem späteren Zeitpunkt durch extrazelluläre Proteasen abgespalten werden. Das carboxy-terminale Ende von TNF-BP war mit Ile-Glu-Asn bestimmt worden (C-terminale Analyse; tryptisches Peptid Fraktion 27: Aminosäuren 159-172, tryptisches Peptid Fraktion 21: Aminosäuren 165-172), wobei Asn der Position 172 in der cDNA Sequenz entspricht.

Potentielle N-Glykosylierungsstellen der allgemeinen Formel Asn-Xaa-Ser/Thr, wobei Xaa jede beliebige Aminosäure außer Prolin sein kann, befinden sich an den Positionen 25-27 (Asn-Asn-Ser), 116-118 (Asn-Cys-Ser) und 122-124 (Asn-Gly-Thr) der TNF-BP cDNA Sequenz. (Daß

Ash-25 glykosyliert ist, ergibt sich daraus, daß bei der Sequenzierung des entsprechenden tryptischen Spaltpeptids an dieser Stelle Asn nicht identifiziert werden konnte.)

Die Analyse der Nukleotid- bzw. der davon abgeleiteten Aminosäuresequenz im Zusammenhang mit den durchgeführten proteinchemischen Untersuchungen zeigt, daß es sich bei TNF-BP um ein glykosyliertes Polypeptid mit 172 Aminosäuren, das durch proteolytische Spaltung nach der 11. Aminosäure in ein Glykoprotein mit 161 Aminosäuren umgewandelt wird, handelt.

Die nachfolgende Tabelle zeigt die sequenzierten tryptischen Peptide und die aus der cDNA Sequenz abgeleiteten korrespondierenden Aminosäuresequenzen:

Fraktion	Aminosäuren
12	1- 8
1	12- 19
8	20- 32
14/I	36- 48
20	36- 53
11	54- 67 (Aminosäuren 66-67 waren am Peptid nicht korrekt bestimmt worden)
14/II	79- 91
26	133-146
5	147-158
27	159-172

Die erhaltene cDNA stellt die Voraussetzung für die Herstellung von rekombinantem TNF-BP dar.

Die zunächst erfindungsgemäß isolierte cDNA enthält, wie bereits erwähnt, nach dem Codon für Asn-172 nicht



das Stopcodon, das aufgrund der Analyse des C-Terminus zu erwarten wäre, sondern der offene Leserahmen wird fortgesetzt. Die Region zwischen Val-183 und Met-204 hat einen stark hydrophoben Charakter. Dieser hydrophobe Bereich von 22 Aminosäuren, gefolgt von einem Abschnitt mit einem Gehalt an positiv geladenen Aminosäuren (Arg-206, Arg-209) weist die typischen Merkmale einer Transmembrandomäne auf, die Proteine in der Zellmembran verankert. Der in Richtung C-Terminus folgende Proteinanteil ist dagegen wieder stark hydrophil.

Das Hydrophobizitätsprofil ist in Fig.2 abgebildet (der Hydrophobizitätsplot wurde mit Hilfe des Mac Molly Programms (Fa.Soft Gene Berlin) erstellt; die Fensterweite für die Berechnung der Werte betrug 11 Aminosäuren. Hydrophobe Bereiche entsprechen positiven, hydrophile Bereiche negativen Werten auf der Ordinate. Auf der Abszisse ist die Zahl der Aminosäuren, beginnend mit dem Startmethionin S1, dargestellt).

Aus der Proteinstruktur ergibt sich, daß die für das lösliche, sekretierte TNF-BP kodierende DNA Teil einer für ein größeres Protein kodierenden DNA ist: Dieses Protein weist die Merkmale eines in der Zellmembran verankerten Proteins auf, enthält TNF-BP in für eine extrazelluläre Domäne typische Weise und weist einen beträchtlichen für zytoplasmatische Domänen typischen Abschnitt auf. Lösliches TNF-BP wird offensichtlich von dieser membrangebundenen Form durch proteolytische Spaltung knapp außerhalb der Transmembrandomäne erhalten.

Die Struktur des von der erhaltenen cDNA kodierten Proteins im Zusammenhang mit der Fähigkeit von TNF-BP, TNF zu binden, bestätigen die Annahme, daß es sich bei

TNF-BP um einen Teil eines zellulären Oberflächenrezeptors für TNF handelt, dessen extrazelluläre, für die Bindung von TNF verantwortliche Domäne proteolytisch abgespalten werden kann und in Form des löslichen TNF-BP wiedergefunden wird. (Dabei soll nicht ausgeschlossen werden, daß im Hinblick auf die Funktionsfähigkeit des Rezeptors dieses Protein gegebenenfalls mit einem oder mehreren anderen Proteinen assoziiert ist).

Für Zwecke der Produktion von TNF-BP in größerem Maßstab wird vorteilhafterweise nicht von der gesamten cDNA ausgegangen, weil das Erfordernis der Abspaltung von TNF-BP von dem Teil des Proteins, das den membrangebundenen Teil des TNF-Rezeptors darstellt, berücksichtigt werden müßte. Es wird vielmehr, wie bereits angeführt, zweckmäßigerweise nach dem Codon für Asn-172 durch gerichtete Mutagenese ein Translationsstopcodon eingeführt, um eine über das C-terminale Ende von TNF-BP hinausgehende Proteinsynthese zu verhindern.

Mit der zunächst erfindungsgemäß erhaltenen cDNA, die eine Teilsequenz der für einen TNF-Rezeptor kodierenden DNA darstellt, kann man zur vollständigen Rezeptorsequenz gelangen, indem man z.B. mittels modifizierter PCR (RACE = "rapid amplification of cDNA ends" (Frohman et al., 1988)) das fehlende 3'-Ende mit Hilfe eines Primers, der aufgrund einer möglichst weit in Richtung 3'-Ende der vorhandenen cDNA gelegenen Sequenz konstruiert wurde, amplifiziert. Eine alternative Methode besteht im konventionellen Screenen der cDNA-Bibliothek mit der verfügbaren cDNA bzw. Teilen davon als Sonde.

Erfindungsgemäß wurde zunächst die Ratten-TNF-Rezeptor

cdNA isoliert mit einer Teilsequenz daraus die vollständige humane TNF-Rezeptor cdNA erhalten und zur Expression gebracht.

Gegenstand der Erfindung ist ein humaner TNF-Rezeptor sowie die dafür kodierende DNA. Unter diese Definition fallen auch DNAs, die für C- und/oder N-terminal verkürzte, z.B. prozessierte, oder für modifizierte (z.B. durch Änderungen an proteolytischen Spaltstellen, Glykosylierungsstellen oder bestimmten Domänenbereichen) Formen bzw. für Fragmente, z.B. die verschiedenen Domänen, des TNF-Rezeptors kodieren. Diese DNAs können in Verbindung mit den für die Expression erforderlichen Kontrollsequenzen als Bestandteil rekombinanter DNA-Moleküle, die ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, zur Transformation von prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen verwendet werden. Dadurch wird einerseits die Voraussetzung geschaffen, den TNF-Rezeptor bzw. Modifikationen oder Fragmente davon in größeren Mengen auf rekombinantem Weg herzustellen, um z.B. die Aufklärung der dreidimensionalen Struktur des Rezeptors zu ermöglichen. Andererseits können mit diesen DNAs höhere eukaryotische Zellen transformiert werden, um Studien über Mechanismen und Dynamik der TNF/Rezeptor-Wechselwirkung, der Signalübertragung bzw. über die diesbezügliche Relevanz der verschiedenen Rezeptordomänen bzw. Abschnitten davon zu erhalten.

Der rekombinante TNF-Rezeptor (bzw. Fragmente oder Modifikationen davon) kann dazu verwendet werden, Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit TNF oder dem TNF-Rezeptor bzw. auf ihren Einfluß auf die durch TNF induzierte Signalübertragung zu untersuchen. Derartige Screenings (unter Verwendung von Proteinen/Fragmenten bzw. von entsprechend transformierten höheren

eukaryotischen Zellen) schaffen die Voraussetzung für die Identifizierung von Substanzen, die TNF substituieren, seine Bindung an den Rezeptor hemmen bzw. solche, die den Mechanismus der durch TNF ausgelösten Signalübertragung blockieren oder verstärken können.

Eine Möglichkeit für das Auffinden von Agonisten und Antagonisten von TNF bzw. dem TNF-Rezeptor besteht in der Etablierung eines High Capacity Screening. Dabei wird eine geeignete Zelllinie, vorzugsweise eine solche, die keinen endogenen humanen TNF-Rezeptor exprimiert, mit einem Vektor transformiert, der die für einen funktionellen TNF-Rezeptor kodierende, gegenüber der natürlichen Sequenz gegebenenfalls modifizierte, DNA enthält. Die Wirkung von Agonisten bzw. Antagonisten kann in einem derartigen Screening untersucht werden, indem die Antwort auf die Wechselwirkung der Substanz mit dem Rezeptor über einen geeigneten Reporter (veränderte Enzymaktivität, z.B. Proteinkinase C, oder Genaktivierung, z.B. Mangan-Superoxiddismutase, NF- $\kappa$ B) verfolgt wird.

Untersuchungen über Mechanismen und Dynamik der TNF/Rezeptor-Wechselwirkung, der Signalübertragung bzw. die diesbezügliche Rolle der Rezeptordomänen können z.B. auch durchgeführt werden, indem DNA-Abschnitte, kodierend für die extrazelluläre Domäne des TNF-Rezeptors (bzw. Teile davon) mit DNA-Abschnitten, kodierend für verschiedene Transmembrandomänen und/oder verschiedene zytoplasmatische Domänen kombiniert und in eukaryotischen Zellen zur Expression gebracht werden. Die dabei erhältlichen hybriden Expressionsprodukte können geeignet sein, aufgrund gegebenenfalls veränderter Eigenschaften für die Signaltransduktion Aufschluß über die diesbezügliche Relevanz der

verschiedenen Rezeptordomänen zu geben, womit ein gezieltes Screening erleichtert wird.

Die Verfügbarkeit der für den TNF-Rezeptor kodierenden cDNA bzw. Abschnitten davon stellt die Voraussetzung dar, zur genomischen DNA zu gelangen. Dazu wird unter stringenten Bedingungen eine DNA-Bibliothek gescreent und die erhaltenen Klone darauf untersucht, ob sie zusätzlich zu den kodierenden Regionen die für die Genexpression erforderlichen regulatorischen Sequenzelemente aufweisen (z.B. Überprüfung auf Promotorfunktion durch Fusion mit kodierenden Regionen geeigneter Reportergene). Der Erhalt der genomischen DNA-Sequenz bietet die Möglichkeit, die im nicht für den TNF-Rezeptor kodierenden Bereich, insbesondere in der 5'-flankierenden Region, gelegenen regulatorischen Sequenzen auf eine etwaige Wechselwirkung mit bekannten, die Genexpression modulierenden Substanzen, z.B. Transkriptionsfaktoren, Steroide, zu untersuchen bzw. gegebenenfalls neue Substanzen, die möglicherweise für die Expression dieses Gens spezifische Wirkung haben, aufzufinden. Die Ergebnisse solcher Untersuchungen bieten die Grundlage für den gezielten Einsatz derartiger Substanzen für die Modulation der TNF-Rezeptor-Expression und damit für eine direkte Beeinflussung der Fähigkeit der Zelle zur Interaktion mit TNF. Damit können die spezifische Reaktion mit dem Liganden und die daraus resultierenden Wirkungen unterbunden werden.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung sind auch DNAs mitumfaßt, die für Subtypen des TNF-Rezeptors bzw. seiner löslichen Formen kodieren, welche gegebenenfalls unterschiedliche Eigenschaften gegenüber dem vorliegenden TNF-Rezeptor aufweisen. Dabei handelt es sich um Expressionsprodukte, die aufgrund von

alternativem Splicing entstanden sind und geänderte Strukturen in Teilbereichen aufweisen, z.B. Strukturen, die eine Veränderung der Affinität und Spezifität für den Liganden (TNF- $\alpha$ /TNF- $\beta$ ) oder eine Veränderung hinsichtlich Art und Effizienz der Signalübertragung bewirken können.

Mit Hilfe der für den TNF-Rezeptor kodierenden cDNA können Nukleinsäuren erhalten werden, die mit der cDNA oder Abschnitten davon unter Bedingungen niedriger Stringenz hybridisieren und für ein Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren oder die für ein solches Polypeptid kodierende Sequenz enthalten.

Gegenstand der Erfindung ist in einem weiteren Aspekt das rekombinante TNF-BP, vorzugsweise in sekretierbarer Form, das den löslichen Teil des erfindungsgemäßen TNF-Rezeptors darstellt sowie die dafür kodierende DNA.

Durch Einbringen eines DNA-Konstruktes, enthaltend die für TNF-BP kodierende Sequenz mit einer für ein Signalpeptid kodierenden Sequenz unter Kontrolle eines geeigneten Promoters in geeignete Wirtsorganismen, zweckmäßigerweise in eukaryotische, bevorzugt höhere eukaryotische Zellen, kann TNF-BP produziert werden, das in den Zellüberstand sekretiert wird.

Im Falle der Verwendung eines Signalpeptids im Hinblick auf die Sekretion des Proteins wird zweckmäßigerweise die für das Signalpeptid kodierende DNA vor das Codon für Asp-12 gefügt, um ein einheitliches Produkt zu erhalten. Grundsätzlich ist jedes Signalpeptid geeignet, das im entsprechenden Wirtsorganismus die Sekretion des reifen Proteins gewährleistet. Gegebenenfalls kann die Signalsequenz auch vor das für Leu-1 kodierende Triplet gesetzt werden, wobei in

diesem Fall erforderlich sein kann, die durch Abspaltung des aus 11 Aminosäuren bestehenden Peptids am N-Terminus entstehende Form von TNF-BP vom nicht oder nicht vollständig prozessierten TNF-BP in einem zusätzlichen Reinigungsschritt zu trennen.

Da die cDNA nach dem Codon für Asn-172, das aufgrund der C-terminalen Analyse den C-Terminus darstellt, kein Stopcodon enthält, wird zweckmäßigerweise im Hinblick auf die Expression von TNF-BP nach dem Codon für Asn 172 durch gerichtete Mutagenese ein Translationsstopcodon eingeführt.

Die für TNF-BP kodierende DNA kann durch Mutation, Transposition, Deletion, Addition oder Verkürzung modifiziert werden, sofern derartig modifizierte DNAs für (Poly)peptide mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren. Derartige Modifikationen können z.B. darin bestehen, eine oder mehrere der potentiellen, gegebenenfalls für die biologische Aktivität nicht erforderlichen Glykosylierungsstellen zu verändern, indem z.B. das Asn-Codon durch ein für eine andere Aminosäure kodierendes Triplet ersetzt wird. Unter Berücksichtigung der Erhaltung der biologischen Aktivität können auch Modifikationen vorgenommen werden, die in einer Änderung der Disulfidbrücken (z.B. Verringerung deren Anzahl) resultieren.

Die angeführten DNA-Moleküle stellen somit die Voraussetzung für die Konstruktion rekombinanter DNA-Moleküle dar, die ebenfalls Gegenstand der Erfindung sind. Mit solchen rekombinanten DNA-Molekülen in Form von Expressionsvektoren, enthaltend die für ein Protein mit TNF-BP Aktivität kodierende, gegebenenfalls in geeigneter Weise modifizierte DNA, vorzugsweise mit einer vorgeschalteten Signalsequenz, und die für die

Expression des Proteins erforderlichen Kontrollsequenzen, können geeignete Wirtsorganismen transformiert, gezüchtet und das Protein gewonnen werden.

Ebenso wie etwaige Modifikationen der DNA-Sequenz erfolgt die Auswahl von für die Expression geeigneten Wirtsorganismen insbesondere im Hinblick auf die biologische Wirkung des Proteins, TNF zu binden. Darüberhinaus gehen die bei der Herstellung rekombinanter Proteine üblichen Kriterien wie Verträglichkeit mit dem gewählten Vektor, Prozessierungsfähigkeit, Isolierung des Proteins, Expressionscharakteristika, Sicherheits- und Kostenaspekte in die Entscheidung über den Wirtsorganismus ein. Die Wahl eines geeigneten Vektors ergibt sich aus dem für die Transformation vorgesehenen Wirt. Grundsätzlich sind alle Vektoren geeignet, die die erfindungsgemäßen für TNF-BP kodierenden DNAs (bzw. Modifikationen davon) replizieren und exprimieren.

Im Hinblick auf die biologische Aktivität des Proteins ist bei der Expression der für TNF-BP kodierenden DNA vor allem der etwaigen Relevanz der beim natürlichen Protein festgestellten Kriterien Glykosylierung und hoher Anteil an Cysteinresten für die Eigenschaft, TNF zu binden, Rechnung zu tragen. Zweckmäßig werden daher für die Expression Eukaryonten, insbesondere geeignete Expressionssysteme höherer Eukaryonten, verwendet.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung wurden sowohl transiente als auch permanente Expression von TNF-BP in eukaryotischen Zellen nachgewiesen.

Das erfindungsgemäße rekombinante TNF-B ebenso wie geeignete Modifikationen davon, die die Fähigkeit



aufweisen, TNF zu binden, können bei der prophylaktischen und therapeutischen Behandlung des menschlichen oder tierischen Körpers bei Indikationen eingesetzt werden, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF- $\alpha$  auftritt.

Da beim TNF-BP auch eine TNF- $\beta$  inhibierende Wirkung nachgewiesen wurde, kann es (bzw. die verwandten bzw. modifizierten Polypeptide) in geeigneter Dosierung, gegebenenfalls in im Hinblick auf eine gesteigerte Affinität zu TNF- $\beta$  modifizierter Form, auch für die Inhibierung der Wirkung von TNF- $\beta$  im Organismus verwendet werden.

Gegenstand der Erfindung sind daher weiters pharmazeutische Zubereitungen, enthaltend eine die biologische Wirkung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$  wirksam hemmende Menge von rekombinantem TNF-BP bzw. einem verwandten Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden.

Pharmazeutische Zubereitungen kommen insbesondere für die parenterale Anwendung bei den erwähnten Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF auftritt, in Betracht, z.B. in Form von Lyophilisaten oder Lösungen. Diese enthalten TNF-BP oder ein therapeutisch wirksames funktionelles Derivat in therapeutisch wirksamer Menge, gegebenenfalls zusammen mit physiologisch verträglichen Zusatzstoffen, wie Stabilisatoren, Puffern, Konservierungsmitteln, etc.

Die Dosierung hängt vor allem von der jeweiligen Indikation und der spezifischen Verabreichungsform, z.B. ob sie lokal oder systemisch erfolgt, ab. Die Größe der Einzeldosen erfolgt gegebenenfalls an Hand der individuellen Beurteilung des Krankheitsfalles

unter Einbeziehung von Faktoren wie Allgemeinzustand, Anamnese, Alter, Gewicht, Geschlecht des Patienten, etc. Wesentlich für die Bestimmung der therapeutisch wirksamen Dosis ist die Berücksichtigung der für die Erkrankung verantwortlichen Menge an ausgeschüttetem TNF sowie die Menge an endogenem TNF-BP. Grundsätzlich kann davon ausgegangen werden, daß zur wirksamen Behandlung einer durch TNF ausgelösten Erkrankung für die ausgeschüttete Menge TNF mindestens dieselbe molare Menge an TNF-BP, gegebenenfalls ein mehrfacher Überschuß erforderlich ist.

Im einzelnen wurde die gestellte Aufgabe wie folgt gelöst:

Vom hochgereinigten TNF-BP wurden die N-terminale Aminosäuresequenz sowie die Aminosäuresequenzen von durch tryptischen Verdau des Proteins erhaltenen Peptiden bestimmt.

Weiters wurde der C-Terminus durch Carboxypeptidase P Verdau, Derivatisierung der abgespaltenen Aminosäuren und chromatographische Auftrennung bestimmt.

Aus den durch tryptischen Verdau erhaltenen Peptidsequenzen wurden im Hinblick auf ihren Einsatz in der PCR für die Herstellung von Oligonukleotiden Bereiche einerseits aus dem N-Terminus und andererseits aus einem tryptischen Peptid derart ausgewählt, daß die Komplexität von Mischoligonukleotiden für die Hybridisierung mit cDNA möglichst gering ist. Auf Basis dieser beiden Bereiche wurde je ein Satz Mischoligonukleotide hergestellt, wobei der vom N-terminal gelegenen Bereich abgeleitete entsprechend der mRNA und der vom tryptischen Peptid abgeleitete revers komplementär zur mRNA synthetisiert wurde. Um

das nachfolgende Klonieren eines mit PCR amplifizierten Segments zu erleichtern, wurde der vom tryptischen Peptid abgeleitete Satz von Oligonukleotiden mit einer BamHI-Restriktionsstelle versehen. Darauf wurde  $\lambda$  DNA aus der TNF- $\alpha$  induzierten Fibrosarkom cDNA-Bibliothek isoliert und daraus eine TNF-BP-Sequenz mittels PCR amplifiziert. Das erhaltene Fragment wurde kloniert und sequenziert; es weist 158 Nukleotide auf und enthält zwischen den beiden von den Primer Oligonukleotiden stammenden Sequenzabschnitten die für das tryptische Peptid 20 kodierende Sequenz.

Dieses DNA-Fragment wurde nachfolgend radioaktiv markiert und als Sonde zur Isolierung von cDNA-Klonen aus der Fibrosarkom-Bibliothek verwendet. Es wurde dazu so verfahren, daß zunächst Plaques mit der Sonde hybridisiert, Phagen von hybridisierenden Plaques vereinzelt und daraus  $\lambda$  DNA gewonnen wurden. Einzelne cDNA-Klone wurden subkloniert und sequenziert; zwei der charakterisierten Klone enthielten die für TNF-BP kodierende Sequenz.

Diese Sequenz stellt einen Teil der für einen TNF-Rezeptor kodierenden Sequenz dar.

Nach Verkürzen der 5'-nicht kodierenden Region und Einführen eines Stop-Codons nach dem Codon für die C-terminale Aminosäure des natürlichen TNF-BP wurde die cDNA in ein geeignetes Expressionsplasmid insertiert, damit eukaryotische Zellen transformiert und die Expression von TNF-BP mittels ELISA nachgewiesen.

Die noch ausständige 3'-Region des TNF-Rezeptors wurde erhalten, indem eine Rattenhirn cDNA-Bibliothek aus der Ratten Glia Tumorzelllinie C6 mit einer TNF-BP Sonde

durchsucht und die vollständige für den Ratten-TNF-Rezeptor kodierende cDNA isoliert wurde.

Der 3'gelegene Abschnitt dieser cDNA, von dem angenommen wurde, daß er der fehlenden 3'-Region hinter der EcoRI Schnittstelle des humanen TNF-Rezeptors entspricht, wurde als Sonde zum nochmaligen Durchsuchen der HS913T cDNA-Bibliothek verwendet. Dabei wurde ein Klon erhalten, der die gesamte für den TNF-Rezeptor kodierende DNA enthält.

Nach Verkürzen der 5'-nicht kodierenden Region wurde die cDNA in ein Expressionsplasmid insertiert und die Expression von humanem TNF-Rezeptor in eukaryotischen Zellen über die Bindung von radioaktiv markiertem TNF nachgewiesen.

Mittels Northern Blot-Analyse wurde bestätigt, daß die isolierte cDNA nahezu der gesamten TNF-R mRNA entspricht (die geringfügige Diskrepanz ergibt sich aus dem Fehlen eines Teils der 5'-nichtkodierenden Region). Daraus kann gefolgert werden, daß es sich beim exprimierten Protein um den vollständigen TNF-Rezeptor handelt.

Die Erfindung wird an Hand der folgenden Vorversuche und Beispiele illustriert.

#### Vorversuch 1

##### Herstellung von hochgereinigtem TNF-BP

##### a) Konzentration des Harns

200 l Dialyseharn von Urämiepatienten, aufbewahrt in Flaschen enthaltend EDTA (10 g/l), Tris (6 g/l), NaN<sub>3</sub>

(1 g/l) und Benzamidinhydrochlorid (1 g/l) sowie kühl gelagert, wurden durch Ultrafiltration mittels einem hochdurchlässigen Hämokapillarfilter mit einer asymmetrischen Hohlfasermembran (FH 88H, Gambro) auf 4,2 l mit einem Proteingehalt von 567 g konzentriert. Der konzentrierte Harn wurde gegen 10mM/l Tris HCl, pH 8 dialysiert. Während dieses Vorgangs wurde, wie in den nachfolgenden Schritten (außer bei der Reverse Phase Chromatographie), 1mM/l Benzamidinhydrochlorid zugefügt, um proteolytischem Verdau entgegenzuwirken. Alle nachfolgenden Reinigungsschritte wurden, wenn nicht anders angegeben, bei 4 °C durchgeführt.

#### b) Ionenaustauschchromatographie

Dieser Schritt wurde durchgeführt, indem DEAE-Sephacel-Säulen (2,5 x 40 cm) mit Proben konzentrierten und dialysierten Harns, enthaltend je ca. 75 g Protein, beschickt wurden. Eluiert wurde mit 800 ml eines NaCl /10mM Tris/HCl pH-8-Gradienten, wobei die NaCl Konzentration 0 bis 0,4 M betrug. Die das TNF-BP enthaltenden Fraktionen von sieben Säulen mit einem Gesamtproteingehalt von 114 g wurden bei -20 °C gelagert.

#### c) Affinitätschromatographie

Zur Herstellung der TNF-Sepharosesäule wurde rTNF- $\alpha$  (15 mg) in 0,1 M NaHCO<sub>3</sub>, 1 M NaCl, pH 9 (Kopplungspuffer) an 1,5 g cyanogenbromidaktivierte Sepharose 4B (Pharmacia) gekoppelt. Die Sepharose wurde in 1mM HCl gequollen und mit Kopplungspuffer gewaschen. Nach Zusatz von rTNF- $\alpha$  wurde die Suspension 2 Stunden lang bei Raumtemperatur rotieren gelassen. Der Überschuß an CNBr-Gruppen wurde durch eineinhalbstündige Rotation mit 1M Ethanolamin, pH 8

blockiert. Die TNF-Sephrose wurde einige Male abwechselnd in 1M NaCl, 0,1 M Natriumacetat pH 8 und 1 M NaCl, 0,1 M Borsäure pH 4 gewaschen und anschließend in phosphatgepufferter Kochsalzlösung mit 1mM Benzamidinhydrochlorid gelagert. Die aus Schritt b) erhaltenen Fraktionen wurden auf eine Konzentration von 0,2 M NaCl, 10mM Tris/HCl, pH 8 eingestellt. Die TNF-Sephrose wurde in eine Säule gepackt und mit 0,2 M NaCl, 10mM Tris HCl, pH 8 gewaschen und die TNF-BP enthaltenden Fraktionen, entsprechend ca. 30 g Protein, bei einer Durchflußrate von 10 ml/h aufgetragen und ausgiebig mit 0,2 M NaCl, 10mM Tris HCl, pH 8 gewaschen, bis im Eluat bei 280nm keine Absorption mehr nachweisbar war. Anschließend wurde TNF-BP mit 0,2 M Glycin/HCl, pH 2,5 eluiert.

TNF-BP enthaltende Fraktionen aus 4 Auftrennungen wurden vereinigt und nach Zusatz von Polyethylenglykol (MG 6000) - bis zu einer Endkonzentration von 10 mg/ml - lyophilisiert. Die lyophilisierte Probe wurde in destilliertem Wasser gelöst und gegen destilliertes Wasser dialysiert. (Die dialysierte Probe (4 ml) wurde in tiefgefrorenem Zustand gelagert.)

Dieser Reinigungsschritt brachte gegenüber dem vorangegangenen eine weitere Anreicherung um das ca. 9000 fache. SDS-PAGE (durchgeführt, wie in Vorversuch 2 beschrieben) der TNF-BP enthaltenden Fraktionen zeigte die Elution von drei Hauptkomponenten mit Molekulargewichten von 28 000, 30 000 und 50 000 .

#### d) Reverse Phase Chromatographie

Ein aliquoter Anteil (1 ml) der aus Schritt c) erhaltenen Fraktionen mit einem Zusatz von 0,1 % Trifluoressigsäure wurde auf eine ProRPC HR 5/10 Säule

(Pharmacia), die an ein FPLC-System (Pharmacia) angeschlossen war, aufgetragen. Die Säule wurde mit 0,1 %iger Trifluoressigsäure equilibriert und bei Raumtemperatur mit einem linearen 15 ml Gradienten von 10 Vol% bis 50 Vol% Acetonitril, enthaltend 0,1 % Trifluoressigsäure, beschickt; die Durchflußrate betrug 0,3 ml/min. Fraktionen von 0,5 ml wurden gesammelt und die Absorption bei 280nm sowie die Aktivität des TNF- $\alpha$  bindenden Proteins mit Hilfe des Kompetitionsbindungstest, wie im Beispiel 1 angegeben, bestimmt, wobei jeweils 0,01  $\mu$ l Probe verwendet wurden. TNF-BP eluierte als ein einziger Aktivitätspeak entsprechend einem scharfen UV-Absorptionspeak.

Dieser letzte Reinigungsschritt brachte eine Zunahme der spezifischen Aktivität um das ca. 29 fache, die Gesamtzunahme an Aktivität gegenüber dem Ausgangsmaterial (konzentrierter Dialyseharn) betrug das ca.  $1,1 \times 10^6$  fache.

SDS-PAGE der reduzierten und nicht reduzierten Probe, durchgeführt wie in Vorversuch 2 angegeben, ergab eine diffuse Bande, die auf das Vorhandensein eines einzigen Polypeptids mit einem Molekulargewicht von ca. 30 000 hinwies. Das diffuse Erscheinungsbild der Bande kann auf das Vorliegen einer oder mehrerer heterogener Glykosylierungen und/oder eines zweiten, in geringer Menge vorhandenen Polypeptids zurückzuführen sein. Die Annahme, dabei könnte es sich um ein Polypeptid mit dem in Vorversuch 3d als Nebensequenz bestimmten N-Terminus handeln, das gegenüber TNF-BP am N-Terminus verlängert ist, wurde durch die Sequenz der cDNA bestätigt, wonach zwischen der Signalsequenz und Asn (Pos.12) ein Abschnitt von 11 Aminosäuren vorliegt, dessen Sequenz mit der N-terminalen Nebensequenz übereinstimmt und der offensichtlich vom prozessierten Protein abgespalten

wird.

## Vorversuch 2

### SDS-Polyacrylamidgelelektrophorese (SDS-PAGE)

SDS-PAGE wurde nach der Methode von Laemmli (Laemmli, 1970) auf 18 cm langen, 16 cm breiten und 1,5 mm dicken Flachgelen mit 10 Taschen mittels einer LKB 2001 Elektrophorese-Einheit durchgeführt. Der Proteingehalt



der Proben aus den Reinigungsschritten c) und d) (Vorversuch 1) wurde mittels Bio-Rad Protein Assay bestimmt bzw. aus der Absorption bei 280 nm berechnet, wobei einer Absorption von 1,0 ein Gehalt von 1 mg TNF-BP/ml zugeordnet wurde.

Die Proben, enthaltend ca. 25 µg Protein (aus Vorversuch 1c) bzw. ca. 5 µg (aus 1d) in reduzierter (β-Mercaptoethanol) und nicht reduzierter Form wurden auf ein 3%iges Sammelgel und ein 5 bis 20%iges lineares Polyacrylamidgradientengel aufgetragen. Die Elektrophorese wurde bei 25mA/Gel ohne Kühlung gefahren. Als Molekulargewichtsmarker (Pharmacia) wurden Phosphorylase B (MG 94 000), Rinderserumalbumin (MG 67 000), Ovalbumin (MG 43 000), Karboanhydrase (MG 30 000), Sojabohnen-Trypsininhibitor (MG 20 100) und α-Laktalbumin (MG 14 400) verwendet. Die Gele wurden mit Coomassie Blue in 7%iger Essigsäure/40%igem Ethanol gefärbt und in 7%iger Essigsäure/25%igem Ethanol entfärbt.

Das Ergebnis der SDS-PAGE zeigte TNF-BP als Polypeptidkette mit einem Molekulargewicht von ca. 30.000 .

### Vorversuch 3

#### a) Probenvorbereitung

15 µg des nach Vorversuch 1d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entsalzt und weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker; 4,6 x 250 mm) und 0,1 %ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug

20 bis 68 % Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion wurde gesammelt, getrocknet und in 75 µl 70 %iger Ameisensäure gelöst und direkt für die Aminosäuresequenzanalyse verwendet.

#### b) Aminosäuresequenzanalyse

Die automatische Aminosäuresequenzanalyse wurde mit einem Applied Biosystems 477 A Flüssigphasensequenator durch On-line Bestimmung der freigesetzten Phenylthiohydantoin-Derivate mittels Applied Biosystems Analysator, Modell 120 A PTH, durchgeführt.

Sie ergab die folgende N-terminale Sequenz als Hauptsequenz

(ca. 80 % der Proteinmenge): Asp-Ser-Val-Xaa-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro-Gln-.

Daneben war folgende Nebensequenz nachzuweisen: Leu-(Val)-(Pro)-(His)-Leu-Gly-Xaa-Arg-Glu-. (Die in Klammer stehenden Aminosäuren konnten nicht eindeutig identifiziert werden.)

#### Vorversuch 4

##### SDS-PAGE

Die Probenvorbereitung wurde wie im Vorversuch 3 durchgeführt mit dem Unterschied, daß die Probenmenge 10 µg betrug. Die Probe wurde in 50 µl Wasser aufgenommen und in 4 Portionen geteilt. Einer der vier aliquoten Teile wurde zur Reinheitsbestimmung mittels SDS-PAGE nach der Methode von Laemmli (24) mit DTT (Dithiothreitol) reduziert und auf Minigelen (Höfer, 55x80x0,75 mm, 15 %) getrennt; als Molekulargewichtsmarker wurde der im Vorversuch 8

angegebene verwendet. Die Färbung erfolgte nach der Methode von Oakley (Oakley, et al., 1986). Das Elektropherogramm ist in Fig. 9 dargestellt. Es zeigt eine einzige Bande bei einem Molekulargewicht von ca. 30 000.

#### Beispiel 1

##### a) Tryptic Peptide Mapping

Etwa 60 µg des nach Vorversuch 1d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entsalzt und damit weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker; 4,6 x 250 mm) und 0,1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug 20 bis 68% Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion (Retentionszeit etwa 13,0 min) wurde gesammelt, getrocknet und in 60 µl 1%igem Ammoniumbicarbonat gelöst.

Dieser Lösung wurden 1% w/w, entsprechend 0,6 µg Trypsin (Boehringer Mannheim) zugesetzt und die Reaktionsmischung 6 Stunden bei 37°C inkubiert. Danach wurden nochmals 1% w/w Trypsin zugesetzt und die Inkubation über Nacht fortgesetzt.

Zur Reduktion der Disulfidbrücken wurde der Reaktionsansatz anschließend mit 60 µl 6 M Harnstoff und mit 12 µl 0,5 M Dithiothreitol versetzt und 2 Stunden bei Raumtemperatur stehengelassen.

Die Auftrennung der entstandenen tryptischen

Spaltpeptide erfolgte über Reverse Phase HPLC, wobei eine Delta Pak C18 Säule (Waters, 3,9 x 150 mm, 5 µm Teilchendurchmesser, 100 Å Porendurchmesser) bei 30°C und 0,1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet wurden. Die Gradientensteigerung betrug 0 bis 55% Eluens B in 55 min, danach wurde 55% B für 15 min beibehalten. Die Flußrate betrug 1 ml/min, die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm (0,5 AUFS) und bei 280 nm (0,05 AUFS).

#### b) Sequenzanalyse von tryptischen Peptiden

Einige der nach a) gewonnenen tryptischen Spaltpeptide von TNF-BP wurden der automatischen Aminosäuresequenzanalyse unterworfen. Dazu wurden die entsprechenden Fraktionen aus der Reverse Phase HPLC gesammelt, getrocknet und in 75 µl 70%iger Ameisensäure gelöst. Diese Lösungen wurden direkt für die Sequenzierung in einem Applied Biosystems 477 A Pulsed Liquid Phase Sequenator eingesetzt. Tab.1 enthält die Ergebnisse der Sequenzanalyse der tryptischen Peptide, wobei die in Klammern angeführten Aminosäuren nicht mit Sicherheit nachgewiesen werden konnten. Die Angabe "Xaa" bedeutet, daß an dieser Stelle die Aminosäure nicht identifiziert werden konnte.

In der Fraktion 8 konnte die Aminosäure in Position 6 nicht identifiziert werden. Die Sequenz -Xaa-Asn-Ser- für die Position 6-8 läßt vermuten, daß die Aminosäure 6 in glykosylierter Form vorliegt.

In der Fraktion 17 konnte die Aminosäure in Position 6 ebenfalls nicht identifiziert werden. Die Sequenz -Xaa-Asn-Ser- (bereits in Fraktion 8 auftretend) für die Positionen 6 bis 8 läßt vermuten, daß die Aminosäure 6 in glykosylierter Form vorliegt. Die ersten 13

Aminosäuren der Fraktion 17 sind weitgehend identisch mit der Fraktion 8; bei Fraktion 17 dürfte es sich somit um ein Peptid handeln, das durch unvollständige tryptische Spaltung entstanden ist.

Auffallend ist die Identität der Fraktion 21 mit den Positionen 7 bis 14 der Fraktion 27. Sowohl in Fraktion 21 als auch in Fraktion 27 bricht die Sequenz nach der Aminosäure Asparagin (Position 8 bzw. 14) plötzlich ab, obwohl hier keine tryptische Spaltung zu erwarten ist. Dies ist ein Hinweis darauf, daß die Aminosäure Asparagin (Position 8 in Fraktion 21 bzw. Position 14 in Fraktion 27) die C-terminale Aminosäure von TNF-BP sein könnte.

Auffallend ist die weitgehende Identität der Sequenz der nur in geringer Menge auftretenden Fraktion 12 mit der in Vorversuch 10 bestimmten Nebensequenz des N-Terminus. Daß die Proteine der Haupt- und Nebensequenz auf einer analytischen Reverse Phase HPLC-Säule (Vorversuch 3b) nicht trennbar waren, lieferte einen Hinweis dafür, daß es sich bei dem Protein mit der Nebensequenz um eine am N-Terminus verlängerte Form des TNF-BP handelt, die durch Prozessierung zum Großteil in das Protein mit der Hauptsequenz überführt wird.

#### Fraktion Aminosäuresequenz

---

- |   |   |
|---|---|
| 1 | Asp - Ser - Val - Cys - Pro - Gln - Gly - Lys |
| 2 | Xaa - Xaa - Leu - Ser -(Cys)- Ser - Lys       |
| 3 | Asp - Thr - Val - (Cys)- Gly -(Cys)- Arg      |

- 4        Glu - Asn - Glu - (Cys)- Val - Ser - (Cys) -  
         Ser - Asn -(Cys) - Lys
- 5        Glu - Asn - Glu -(Cys)- Val - Ser - (Cys)-  
         (Ser)- Asn - (Cys)- Lys - (Lys)
- 8        Tyr - Ile - His - Pro - Gln - Xaa - Asn - Ser  
         - Ile - Xaa - Xaa - Xaa - Lys
- 11       Glu - Cys - Glu - Ser - Gly - Ser - Phe - Thr  
         - Ala - Ser - Glu - Asn -(Asn) - (Lys)
- 12       Leu - Val - Pro - His - Leu - Gly - Asp - Arg
- 13       Lys - Glu - Met - Gly - Gln - Val - Glu - Ile  
         - Ser - Ser - (Cys)- Thr - Val - Asp - (Arg)
- 14/I     Gly - Thr - Tyr - Leu - Tyr - Asn - Asp - Cys  
         - Pro - Gly - Pro - Gly - Gln -
- 14/II    (Glu) - Met - Gly - Gln - Val -(Glu)- (Ile) -  
         (Ser)- Xaa - Xaa - Xaa - (Val) -(Asp)-
- 15       Lys - Glu - Met - Gly - Gln - Val - Glu - Ile  
         - Ser - Ser - (Cys) - Thr - Val - Asp - Arg -  
         Asp - Thr - Val - (Cys) - Gly -
- 17       Tyr - Ile - His - Pro - Gln - Xaa - Asn - Ser  
         - Ile - (Cys) - (Cys)- Thr - Lys - (Cys) - His  
         - Lys - Gly - Xaa - Tyr -
- 20       Gly - Thr - Tyr - Leu - Tyr - Asn - Asp - Cys  
         - Pro - Gly - Pro - Gly - Gln - Asp - Thr -  
         Xaa - Xaa - Arg

21. Leu - (Cys) - Leu - Pro - Gln - Ile - Glu - Asn
- 26 Gln - Asn - Thr - Val -(Cys)- Thr - Xaa - (His)- Ala - Gly - Phe - (Phe) - Leu - (Arg)
- 27 Ser - Leu - Glu - (Cys) - Thr - Lys - Leu - (Cys)- Leu - Pro - Gln - Ile - Glu - Asn

Tabelle 1: Aminosäuresequenzen der analysierten tryptischen Peptide von TNF-BP

## Beispiel 2

### Analyse des C-Terminus

Diese Analyse wurde nach dem Prinzip der in (Hsieng et al., 1988) beschriebenen Methode durchgeführt.

Etwa 60 µg des nach Vorversuch 2d) gereinigten Proteins wurden über Reverse Phase HPLC entsalzt und damit weiter gereinigt. Dazu wurden eine Bakerbond WP C18 Säule (Baker; 4,6 x 250 mm) und 0,1%ige Trifluoressigsäure in Wasser (Eluens A) bzw. in Acetonitril (Eluens B) als mobile Phase verwendet. Die Gradientensteigerung betrug 20 bis 68% Eluens B in 24 min. Die Detektion erfolgte parallel bei 214 nm und bei 280 nm. Die TNF-BP enthaltende Fraktion (Retentionszeit etwa 13,0 min) wurde gesammelt, getrocknet und in 120 µl 10 mM Natriumacetat (auf pH 4 gestellt mit 1 N HCl) gelöst.

Dieser Lösung wurden 6 µl Brij 35 (10 mg/ml in Wasser) sowie 1,5 µl Carboxypeptidase P (0,1 mg/ml in Wasser, Boehringer Mannheim, Nr. 810142) zugesetzt. Das entspricht einem Gewichtsverhältnis Enzym zu Protein

von 1 zu 400 (Frohman et al., 1988).

Sofort nach Zusatz des Enzyms wurde eine Probe von 20 µl der Reaktionsmischung entnommen und darin die enzymatische Reaktion durch Ansäuern mit 2 µl konzentrierter Trifluoressigsäure und durch Gefrieren bei - 20°C unterbrochen.

Die Reaktionsmischung wurde im Kühlschrank (ca. 8°C) stehengelassen und Proben zu je 20 µl nach 10, 20, 60 und 120 Minuten entnommen. Der Rest der Reaktionsmischung wurde weitere 120 Minuten bei Raumtemperatur belassen. Alle Proben wurden sofort nach der Entnahme durch Zusatz von 2 µl konzentrierter Trifluoressigsäure angesäuert und bei -20°C eingefroren, wodurch die enzymatische Reaktion unterbrochen wurde.

Parallel zum beschriebenen Probenansatz mit etwa 60 µg TNF-BP wurde unter identischen Bedingungen ein Reagentienblindwert angesetzt, dem kein Protein zugesetzt worden war.

Nach der letzten Probennahme wurden alle Proben 30 Minuten lang in einem Speed Vac Concentrator getrocknet, mit 10 µl einer Lösung aus 2 Teilen Äthanol, 2 Teilen Wasser und 1 Teil Triäthylamin (= "Redrying solution" des Picotag-Aminosäureanalysesystems der Fa. Waters) versetzt und nochmals kurz getrocknet. Danach wurden die Proben zur Derivatisierung der vom C-Terminus abgespalteten Aminosäuren mit je 20 µl des "Derivatisation Reagens" (7:1:1:1 = Äthanol : Wasser : Triäthylamin : Phenylisothiocyanat; Picotag-System) versetzt, 20 Minuten bei Raumtemperatur stehen gelassen und dann 1 Stunde in einem Speed Vac Concentrator getrocknet.



Zur Analyse der derivatisierten Aminosäuren wurden die Proben in 100 µl "Sample Diluent" (Picotag-System der Fa.Waters) gelöst. Von diesen Lösungen wurden je 50 µl mit Reverse Phase HPLC (Säule, mobile Phase und Gradient nach Originalvorschrift des Picotag-Systems der Fa.Waters) analysiert. Die Chromatogramme der Proben und Reagentienblindwerte wurden mit dem Chromatogramm eines analog derivatisierten Gemisches (100 pMol/Aminosäure) von Standardamino-säuren (Fa.Beckman) verglichen.

Wie aus den quantitativen Ergebnissen der Picotag-Aminosäureanalyse (Tabelle 2) ersichtlich ist, ist Asparagin mit hoher Wahrscheinlichkeit die C-terminale Aminosäure von TNF-BP. Neben Asparagin konnten nach 240 Minuten Reaktionszeit auch Glutaminsäure und in geringerer Menge Isoleucin nachgewiesen werden. Signifikant über dem Reagentienblindwert liegende Mengen von anderen Aminosäuren konnten auch nach 240 Minuten Reaktionszeit nicht gefunden werden. Dieses Ergebnis (-Ile-Glu-Asn als C-Terminus) bestätigt die aus der N-terminalen Sequenzierung der tryptischen Peptide 21 und 27 abgeleitete Vermutung, daß die bei diesen Peptiden C-terminal identifizierten Aminosäuren - Ile-Glu-Asn (Beispiel 1b) den C-Terminus von TNF-BP darstellen.

Reaktionszeit	Integratoreinheiten für die Aminosäuren		
	Isoleucin	Glutaminsäure	Asparagin
0	-	-	-
10	-	-	-
20	-	-	83.304
60	-	-	168.250
120	-	-	319.470
240	85.537	152.350	416.570

Tabelle 2: Quantitative Auswertung der Picotag-Aminosäureanalyse nach Reaktion von Carboxypeptidase P mit TNF-BP

Methoden zu den Beispielen 3 bis 7:

In den nachfolgenden Beispielen wurden, sofern nicht ausdrücklich anders angegeben, molekularbiologische Standardmethoden verwendet, die einschlägigen Handbüchern entnommen werden können bzw. den von den Herstellern empfohlenen Bedingungen entsprechen. Um die Beschreibung der nachfolgenden Beispiele zu vereinfachen, werden oft wiederkehrende Methoden bzw. Bezeichnungen kurz beschrieben:

"Schneiden" oder "Verdauen" von DNA bezieht sich auf die katalytische Spaltung der DNA mittels Restriktionsendonukleasen (Restriktionsenzymen) an für diese spezifischen Stellen (Restriktionsstellen). Restriktionsendonukleasen sind käuflich erhältlich und werden unter den von den Herstellern empfohlenen Bedingungen (Puffer, Rinderserumalbumin (BSA) als

Trägerprotein, Dithiothreitol (DTT) als Oxidationsschutz) eingesetzt. Restriktionsendonukleasen werden mit einem Großbuchstaben, meist gefolgt von Kleinbuchstaben und normalerweise einer römischen Ziffer, bezeichnet. Die Buchstaben hängen von dem Mikroorganismus ab, aus dem die betreffende Restriktionsendonuklease isoliert wurde (z.B.: Sma I: *Serratia marcescens*). Üblicherweise wird etwa 1 µg DNA mit einer oder mehreren Einheiten des Enzyms in etwa 20 µl Pufferlösung geschnitten. Normalerweise wird eine Inkubationsdauer von 1 Stunde bei 37°C verwendet, kann aber laut den Verwendungsvorschriften des Herstellers variiert werden. Nach dem Schneiden wird manchmal die 5'Phosphatgruppe durch Inkubation mit alkalischer Phosphatase aus Kalbsdarm (CIP) entfernt. Dies dient zur Verhinderung einer ungewünschten Reaktion der spezifischen Stelle in einer nachfolgenden Ligasereaktion (z.B. Zirkularisierung eines linearisierten Plasmids ohne Insertierung eines zweiten DNA-Fragmentes). Wenn nicht anders angegeben, werden DNA-Fragmente nach dem Schneiden mit Restriktionsendonukleasen normalerweise nicht dephosphoryliert. Reaktionsbedingungen für die Inkubation mit alkalischer Phosphatase sind z.B. dem M13 Cloning und Sequencing Handbuch (Cloning and Sequencing Handbook, Fa Amersham, PI/129/83/12) zu entnehmen. Nach der Inkubation wird Protein durch Extraktion mit Phenol und Chloroform entfernt und die DNA aus der wässrigen Phase durch Zusatz von Äthanol präzipitiert.

"Isolierung" eines bestimmten DNA Fragments bedeutet die Auftrennung der durch den Restriktionsverdau erhaltenen DNA-Fragmente, z.B. auf einem 1% Agarosegel. Nach der Elektrophorese und dem Sichtbarmachen der DNA im UV-Licht durch Anfärben mit Äthidiumbromid (EtBr)

wird das gewünschte Fragment anhand mitaufgetragener Molekulargewichtsmarker lokalisiert und durch weitere Elektrophorese an DE 81 Papier (Schleicher und Schüll) gebunden. Die DNA wird durch Spülen mit Niedrigsalzpuffer (200 mM NaCl, 20 mM Tris pH=7,5, 1 mM EDTA) gewaschen und anschließend mit einem Hochsalzpuffer (1 M NaCl, 20 mM Tris pH=7,5, 1 mM EDTA) eluiert. Die DNA wird durch Zusatz von Äthanol präzipitiert.

"Transformation" bedeutet das Einbringen von DNA in einen Organismus, so daß die DNA dort replizierbar ist, entweder extrachromosomal oder chromosomal integriert. Transformation von E.coli folgt der im M13 Cloning and Sequencing Handbuch (Cloning and Sequencing Handbook, Fa. Amersham, PI/129/83/12) angegebenen Methode.

"Sequenzieren" einer DNA bedeutet die Bestimmung der Nukleotidsequenz. Dazu wird zunächst die zu sequenzierende DNA mit verschiedenen Restriktionsenzymen geschnitten, und die Fragmente werden in entsprechend geschnittene M13 mp8, mp9, mp18 oder mp19 Doppelstrang DNA eingebracht, oder es werden die DNA mittels Ultraschall fragmentiert, die Enden repariert und die gröÙenselektionierten Fragmente in Sma I geschnittene, dephosphorylierte M13 mp8 DNA eingebracht (Shotgun Methode). Nach der Transformation von E.coli JM 101 wird Einzelstrang DNA aus rekombinanten M13 Phagen entsprechend dem M13 Cloning and Sequencing manual (Cloning and Sequencing Handbook, Fa Amersham, PI/129/83/12) isoliert und nach der Didesoxymethode (Sanger et al., 1977) sequenziert. Als Alternative zur Verwendung des Klenowfragment der E.coli DNA Polymerase I bietet sich dabei die T7-DNA Polymerase an ("Sequenase, Fa. United States Biochemical Corporation). Die Sequenzreaktionen werden

entsprechend dem Handbuch "Sequenase: Step-by-Step Protocols for DNA Sequencing With Sequenase" (Version 2.0) durchgeführt.

Eine weitere Sequenziermethode besteht im Klonieren der zu sequenzierenden DNA in einen Vektor, der unter anderem einen Replikationsursprung eines DNA-Einzelstrangphagen (M13, f1) trägt (z.B. Bluescribe oder Bluescript M13 von Stratagene). Nach Transformation von E.coli JM101 mit dem rekombinanten Molekül können die Transformanten mit einem Helferphagen, zB. M13KO7 oder R408 von Promega) infiziert werden. Als Resultat erhält man eine Mischung aus Helferphagen und verpacktem, einzelsträngigem rekombinanten Vektor. Die Aufarbeitung der Sequenziervorlage (Template) erfolgt in Analogie zu der M13 Methode. Doppelsträngige Plasmid-DNA wurde entsprechend dem oben angeführten Sequenzierhandbuch durch Alkalibehandlung denaturiert und direkt sequenziert.

Die Auswertung der Sequenzen erfolgte mittels der ursprünglich von R. Staden (Staden et al., 1982) entwickelten und von Ch. Pieler (Pieler, 1987) modifizierten Computerprogramme.

"Ligieren" bezieht sich auf den Prozeß der Bildung von Phosphodiesterbindungen zwischen zwei Enden von Doppelstrang-DNA Fragmenten. Üblicherweise werden zwischen 0,02 und 0,2 µg DNA-Fragmente in 10 µl mit etwa 5 units T4-DNA Ligase ("Ligase") in einer geeigneten Pufferlösung ligiert (Maniatis et al., 1982).

"Präparation" von DNA aus Transformanten bedeutet die Isolierung der Plasmid DNA aus Bakterien mittels der alkalischen SDS Methode, modifiziert nach Birnboim und Doly, unter Weglassen des Lysozyms. Dabei werden die

Bakterien aus 1,5 bis 50 ml Kultur verwendet.

"Oligonukleotide" sind kurze Polydesoxynukleotide, die chemisch synthetisiert werden. Dazu wurde der Applied Biosystems Synthesizer Modell 381A verwendet. Die Oligonukleotide werden entsprechend dem Modell 381A User Manual (Applied Biosystems) aufgearbeitet. Sequenzprimer werden ohne weitere Reinigung direkt eingesetzt. Andere Oligonukleotide werden bis zu einer Kettenlänge von 70 durch die "OPC"-Methode gereinigt (OPC = Oligonucleotid purification column, Applied Biosystems, Product Bulletin, January 1988). Längere Oligonukleotide werden durch Polyacrylamidgelelektrophorese (6% Acrylamid, 0,15% Bisacrylamid, 6 M Harnstoff, TBE-Puffer) gereinigt und nach der Elution aus dem Gel über eine G-25 Sepharosesäule entsalzt.

### Beispiel 3

#### Herstellung von TNF-BP-spezifischen Hybridisierungssonden

Die Auswahl der Oligonukleotide wurde im Hinblick auf deren Verwendung zur Amplifizierung von cDNA mittels PCR getroffen:

- a) Aus der N-terminalen Aminosäuresequenz des TNF-Bindungsproteins (Hauptsequenz, erhalten aus Vorversuch 3 und Beispiel 1, Fraktion 1)

Asp-Ser-Val-Cys-Pro-Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-  
His-Pro-Gln-

wurde ein Heptapeptid-Bereich ausgewählt, der die

niedrigste Komplexität eines gemischten Oligonukleotids zum Hybridisieren an cDNA zuläßt: Es sind dies die Aminosäuren 6 bis 12. Um die Komplexität des Mischoligonukleotids herabzusetzen, wurden vier Mischoligonukleotide mit einer Komplexität von jeweils 48 hergestellt. Die Oligonukleotide wurden in Richtung der mRNA hergestellt, sie sind somit zum 3'Ende der Sequenz orientiert und identisch mit dem nichtkodierenden Strang des TNF-BP-Gens:

Gln-Gly-Lys-Tyr-Ile-His-Pro

5'CAA GGT AAA TAT ATT CAT CC 3'TNF-BP #3/1 EBI-1639

G G C C C  
A

5'CAA GGC AAA TAT ATT CAT CC 3'TNF-BP #3/2 EBI-1640

G G C C C  
A

5'CAA GGA AAA TAT ATT CAT CC 3'TNF-BP #3/3 EBI-1641

G G C C C  
A

5'CAA GGG AAA TAT ATT CAT CC 3'TNF-BP #3/4 EBI-1642

G G C C C  
A

- b) Aus der Aminosäuresequenz eines tryptischen Peptides (Fraktion 11 des tryptischen Verdaus) der Aminosäuresequenz

Glu-Cys-Glu-Ser-Gly-Ser-Phe-Thr-Ala-Ser-(Glu/Cys)-Asn-Asn-Lys (vgl. Beispiel 1)

wurde ein Peptid-Bereich ausgewählt und ein weiterer Satz von Mischoligonukleotiden synthetisiert:

-Phe-Thr-Ala-Ser-Glu-Asn-Asn-Lys

Cys

TNF-BP #4/5 (EBI-1653):

3'AAA TGA CGG AGA CTC TTG TTG TT CCTAGGG 5'

G G T T T  
T

TNF-BP #4/6 (EBI-1654):

3'AAA TGA CGG TCA CTC TTG TTG TT CCTAGGG 5'

G G T G T  
T

TNF-BP #4/7 (EBI-1657):

3'AAA TGA CGG AGA ACA TTG TTG TT CCTAGGG 5'

G G T T G  
T

TNF-BP #4/8 (EBI-1658):

3'AAA TGA CGG TCA ACA TTG TTG TT CCTAGGG 5'

G G T G G  
T

Die Oligonukleotide wurden komplementär zur mRNA synthetisiert und sind somit zum 5'Ende der Sequenz orientiert. Um das amplifizierte DNA-Fragment im Anschluß an die PCR effizient klonieren zu können, wurde auch ein BamHI-Linker am 5'Ende der Oligonukleotide vorgesehen. Werden z.B. die Oligonukleotide TNF-BP-#4/5-8 gemeinsam mit TNF-BP #3/1-4 für die PCR an der gesamten  $\lambda$ -DNA einer Bibliothek eingesetzt, kann ein etwa resultierendes DNA Fragment mit BamHI nachgeschnitten werden. Die Partner-Oligonukleotide ergeben ein gerades Ende am 5'Terminus, das Fragment kann somit in die SmaI-BamHI-Stellen eines geeigneten Vektors kloniert werden.



Jedes Mischoligonukleotid TNF-BP #4/5 bis 8 ist eine Mischung aus 48 Einzelnukleotiden und berücksichtigt einige Codons nicht, und zwar:

Thr	ACG
Ala	GCG und GCT
Ser	TCG und TCC
Asn	AAT

Bei GCT wird die Möglichkeit in Betracht gezogen, daß das zu GCC (Ala) komplementäre Triplet CGG durch Ausbildung einer G-T Brücke wirksam sein kann, bei TCG (Ser) und AAT (Asn) gilt dasselbe bezüglich AGT bzw. TTG.

ACG, GCG und TCG sind äußerst seltene Codons (CG-Regel) und wurden deshalb nicht berücksichtigt.

#### Beispiel 4

Amplifizierung einer für TNF-BP kodierenden Teilsequenz aus einer cDNA-Bibliothek.

##### a) Isolierung von $\lambda$ -DNA einer cDNA Bibliothek

Die Herstellung der cDNA Bibliothek erfolgte nach der in der EP-A1-0293 567 für die humane plazentale cDNA Bibliothek beschriebenen Methode mit dem Unterschied, daß als Ausgangsmaterial  $10^9$  Fibrosarkomzellen der Zelllinie HS 913 T, die unter Stimulierung mit humanem TNF- $\alpha$  (10 ng/ml) hochgezüchtet worden waren, verwendet wurden. Statt  $\lambda$  gt10 wurde  $\lambda$  gt11 verwendet (cDNA Synthese: Amersham RPN 1256; EcoRI verdaute  $\lambda$  gt11 Arme: Promega Biotech; in vitro Verpacken der ligierten

DNA: Gigapack Plus, Stratagene).

5 ml des Phagenüberstandes der amplifizierten cDNA Bibliothek der humanen Fibrosarkom Zelllinie HS913T in  $\lambda$  gtl1 wurden mit 0,5  $\mu$ g RNase A und 0,5  $\mu$ g DNase I versetzt und eine Stunde bei 37°C inkubiert. Die Mischung wurde 10 min bei 5000xg zentrifugiert, der Überstand durch Extraktion mit Phenol und Chloroform von Protein befreit und die DNA aus der wässrigen Phase durch Zusatz von Ethanol präzipitiert. Die  $\lambda$ -DNA wurde in TE-Puffer (10 mM Tris pH=7,5; 1 mM EDTA) gelöst.

b) PCR Amplifizierung einer TNF-BP Sequenz aus einer cDNA Bibliothek

Für die Anwendung der PCR (Saiki et al., 1988) auf DNA der HS913T cDNA Bibliothek wurden 16 Einzelreaktionen durchgeführt, in welchen jeweils eines der 4 Mischoligonukleotide EBI-1639, EBI-1640, EBI-1641, EBI-1642 als erster Primer und eines der vier Mischoligonukleotide EBI-1653, EBI-1654, EBI-1657, EBI-1658 als zweiter Primer eingesetzt wurde. Jedes dieser Mischoligonukleotide enthält 48 verschiedene Oligonukleotide gleicher Länge.

Die Amplifizierung mittels PCR fand in 50  $\mu$ l Reaktionsvolumen, enthaltend 250 ng  $\lambda$ -DNA der cDNA-Bibliothek, 50 mM KCl, 10 mM Tris pH=8,3, 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,01% Gelatine, 0,2 mM jedes der 4 desoxy-Nukleosidtriphosphate (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), je 200 pMol erster und zweiter Primer, 1,25 Einheiten Taq Polymerase [Perkin-Elmer Cetus] statt. Um ein Verdunsten zu verhindern, wurde die Lösung mit einigen Tropfen Mineralöl (0,1 ml) überschichtet. Die PCR wurde in einem DNA Thermal Cycler (Perkin Elmer Cetus) folgendermaßen durchgeführt: Die Proben wurden 5 Minuten auf 94°C erhitzt, um die DNA zu denaturieren,

und anschließend 40 Amplifikationszyklen unterworfen. Ein Zyklus bestand aus 40 Sekunden Inkubation bei 94°C, 2 Minuten Inkubation bei 55°C und 3 Minuten Inkubation bei 72°C. Am Ende des letzten Zyklus wurden die Proben für weitere 7 Minuten bei 72°C inkubiert, um sicherzustellen, daß die letzte Primer-Verlängerung vollständig verläuft. Nach Abkühlen auf Raumtemperatur wurden die Proben mit Phenol und Chloroform von Protein befreit und die DNA mit Äthanol präzipitiert.

5 µl jeder der 16 PCR-Proben wurden auf ein Agarosegel aufgetragen und die Länge der amplifizierten DNA-Fragmente nach elektrophoretischer Auftrennung bestimmt. Die stärkste DNA Bande, ein Fragment von 0,16 kb Länge, war in den PCR-Proben zu sehen, die mit dem Oligonukleotid EBI-1653 als erstem Primer und einem der Oligonukleotide EBI-1639, EBI-1640, EBI-1641 oder EBI-1642 als zweitem Primer amplifiziert worden waren. Da die mit dem Primerpaar EBI-1653 und EBI-1642 amplifizierte Probe die größte Menge an diesem 0,16 kb DNA-Fragment enthielt, wurde diese Probe für die weitere Aufarbeitung ausgewählt.

#### Beispiel 5:

#### Klonierung und Sequenzierung eines durch PCR Amplifikation gewonnenen DNA-Fragments

Das erhaltene PCR-Produkt der Primer EBI-1642 und EBI-1653 wurde mit BamHI geschnitten und nachfolgend elektrophoretisch in einem Agarosegel (1,5% NuSieve GTG Agarose plus 1% Seakem GTG Agarose, FMC Corporation) nach der Größe aufgetrennt. Die Hauptbande, ein DNA Fragment von 0,16 kb Länge, wurde aus dem Gel elektroeluiert und mit Ethanol präzipitiert. Dieses DNA

Fragment wurde mit BamHI/SmaI geschnittenem Plasmid pUC18 (Pharmacia) ligiert und E. coli JM101 mit dem Ligationsgemisch transformiert. Die nach der Minipräparationsmethode hergestellten Plasmide wurden durch Schneiden mit den Restriktionsenzymen PvuII und EcoRI-BamHI und nachfolgender Elektrophorese in Agarosegelen charakterisiert. Das Plasmid pUC18 enthält zwei Schnittstellen für PvuII, die in einem 0,32 kb DNA-Fragment die Polyklonierstelle flankieren. Sehr kurze DNA-Inserts in der Polyklonierstelle des Plasmids können nach Schneiden mit PvuII leichter im Agarosegel sichtbar gemacht werden, da sich die Länge um 0,32 kb vergrößert. Durch Schneiden mit EcoRI und BamHI kann das in den mit BamHI und SmaI geschnittenen Plasmidvektor ligierte DNA-Fragment inklusive einiger Basenpaare der Polylinkersequenz erhalten werden. Ein Klon mit dem gewünschten Insert wurde als pTNF-BP3B bezeichnet. Das gesamte DNA-Insert dieses Klons wurde nach Subklonieren eines EcoRI-BamHI Fragments in M13mp18 (Pharmacia) nach der modifizierten Didesoxy Methode mit Sequenase (United States Biochemical Corporation) sequenziert.

Die Analyse der durch PCR-amplifizierten DNA ergab folgende Sequenz (nur der nicht kodierende Strang ist abgebildet, darüber die abgeleitete Aminosäuresequenz):

	5		10
Gln Gly Lys Tyr Ile His Pro Gln Asn Asn Ser Ile Cys			
CAG GGG AAA TAT ATT CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC			
15	20	25	
Cys Thr Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Tyr Asn Asp			
TGT ACC AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC			

30	35
<u>Cys Pro Gly Pro Gly Gln Asp Thr</u>	Asp Cys Arg Glu Cys
TGT CCA GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC	TGC AGG GAG TGT
40	50
Glu Ser Gly Ser Phe-Thr	Ala Ser Glu Asn Asn Lys
GAG AGC GGC TCC TTC ACA GCC TCA GAA AAC AAC	AAG GAT CC

Die ersten 20 und die letzten 29 Nukleotide (in Kursivschrift) entsprechen den Sequenzen der Primer-Oligonukleotide EBI-1642 bzw. dem Komplement von EBI-1653. Die Aminosäuren 38 bis 43 bestätigen die restliche Sequenz des tryptischen Peptides 11.

Weiters enthält das mittels PCR erzeugte DNA-Fragment die Sequenz des Peptides der Fraktion 20 des tryptischen Verdaus (Aminosäuren 20 bis 34, unterstrichen). Damit ist erwiesen, daß der Klon pTNF-BP3B von einer cDNA abgeleitet wurde, die für TNF-Bindungsprotein kodiert.

pTNF-BP3B stellt damit eine Sonde, z.B. zum Durchsuchen von cDNA-Bibliotheken nach TNF-BP cDNAs, dar.

#### Beispiel 6:

##### Isolierung von TNF-BP cDNA Klonen

Ca. 720.000 Phagen der HS913T cDNA Bibliothek in  $\lambda$  gt11 wurden auf E.coli Y1088 ( $\Delta$  lacU169, pro::Tn5, tonA2, hsdR, supE, supF, metB, trpR, F<sup>-</sup>,  $\lambda$  -, (pMC9)) plattiert (ca. 60.000 Phagen pro 14,5 cm Petrischale, LB-Agar: 10 g/l Trypton, 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l NaCl, 1,5% Agar, Plattieren in Top-Agarose: 10 g/l Trypton, 8 g/l NaCl, 0,8% Agarose). Von jeder Platte wurden zwei

Nitrozellulosefilter-Abzüge hergestellt. Die Filter wurden vorgewaschen (16 Stunden bei 65°C) in:

50 mM Tris/HCl pH=8,0  
1 M NaCl  
1 mM EDTA  
0,1 % SDS

Die Filter wurden zwei Stunden bei 65°C prähybridisiert in:

6x SSC (0,9M NaCl, 0,09 M tri-Na-citrat)  
5x Denhardt's (0,1% Ficoll, 0,1% Polyvinylpyrrolidon, 0,1% BSA (=Rinderserumalbumin))  
0,1% SDS

Herstellung der radioaktiv markierten Sonde:

pTNF-BP 3B wurde mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten und das ca. 0,16 kb Insert isoliert. 0,6 µg des Inserts in 32 µl werden bei 100°C denaturiert und mit je 60 pMol EBI-1642 und EBI-1653 durch Abkühlen auf 80°C über 10 Minuten und jähes Abkühlen in Eiswasser geprimt. Nach Zusatz von

10 µl α-32P-dCTP (100 µCi, 3,7 MBq)  
5 µl 10x Priming Puffer (0,1 M Tris/HCl pH=8,0, 50 mM MgCl<sub>2</sub>)  
2 µl je 1mM dATP, dGTP, dTTP  
1 µl PolIK (Klenow Fragment der E.coli DNA Polymerase I, 5 Einheiten)

wurde 90 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert. Nach Hitzeinaktivierung (10 Minuten auf 70°C) erfolgte das Abtrennen der nichteingebauten Radioaktivität durch Chromatographie über Biogel P6DG (Biorad) in TE Puffer (10 mM Tris/HCl pH=8, 1 mM EDTA). Eingebaut wurden 65x10<sup>6</sup> cpm.

Das Hybridisieren der Filter erfolgte in einem

Gesamtvolumen von 80 ml 6xSSC/5X Denhardt's/0,1% SDS plus hitzedenaturierter Hybridisierersonde während 16 Stunden bei 65°C.

Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 6xSSC/0,01% SDS und einmal 45 Minuten bei Raumtemperatur in 2xSSC/0,01% SDS und dreimal 30 Minuten bei 65°C in 2xSSC/0,01% SDS gewaschen. Die Filter wurden luftgetrocknet und anschließend an Amersham Hyperfilm 16 Stunden unter Verwendung einer Verstärkerfolie bei -70°C exponiert. Insgesamt wurden 30 hybridisierende Plaques identifiziert ( $\lambda$ -TNF-BP #1-30).

Die Regionen mit den hybridisierenden Plaques wurden möglichst präzise ausgestochen, und die Phagen in 300  $\mu$ l SM Puffer plus 30  $\mu$ l Chloroform eluiert.

Durch "Plaquereinigung" (Plattieren von ca. 200 Phagen pro 9 cm Petrischale beim zweiten Durchgang, bzw. ca. 20 Phagen pro 9 cm Petrischale beim dritten Durchgang, Filterabzüge doppelt, Vorbereiten, Hybridisieren und Waschen wie beim erstmaligen Durchsuchen beschrieben) wurden letztlich 25 hybridisierende Phagen vereinzelt ( $\lambda$ -TNF-BP #1-10, 12-24, 29,30).

Darstellung der rekombinanten  $\lambda$ -DNA von den Klonen  $\lambda$ -TNF-BP #13, 15, 23, 30:

$2 \times 10^6$  Phagen wurden auf E.coli Y1088 in Topagarose (10 g/l Trypton, 8 g/l NaCl, 0,8% Agarose) plattiert (14,5 cm Petrischale mit LB-Agarose (1,5% Agarose, 0,2% Glucose, 10 mM  $MgSO_4$ , 10 g/l Trypton, 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l NaCl) und 6 Stunden bei 37°C inkubiert. Nach Abkühlen der Platten (30 Minuten bei 4°C) wurde mit 10 ml  $\lambda$ -Diluent (10 mM Tris/HCl pH=8,0, 10 mM  $MgCl_2$ , 0,1 mM EDTA) überschichtet und 16 Stunden bei 4°C eluiert. Der Überstand wurde in 15 ml Corex Röhrchen transferiert und 10 Minuten bei 15000 rpm und

4°C zentrifugiert (Beckman J2-21 Zentrifuge, JA20 Rotor). Der Überstand wurde in 10 ml Polycarbonat-Röhrchen dekantiert und bei 50000 rpm, 20°C bis  $\omega^2t=3 \times 10^{10}$  zentrifugiert (Beckman L8-70, 50 Ti Rotor). Das Pellet wurde in 0,5 ml  $\lambda$ -Diluent resuspendiert und in Eppendorf Röhrchen (1,4 ml) transferiert. Nach Zusatz von 5  $\mu$ g RNase A und 0,5  $\mu$ g DNaseI und Inkubation bei 37°C während 30 Minuten und Zusatz von 25  $\mu$ l 0,5 M EDTA, 12,5  $\mu$ l 1 M Tris/HCl pH=8.0, 6,5  $\mu$ l 20% SDS erfolgte weitere Inkubation bei 70°C für 30 Minuten. Die  $\lambda$ -DNA wurde durch Phenol/Chloroform Extraktion gereinigt und mit Ethanol gefällt. Abschließend wurde die DNA in 100  $\mu$ l TE-Puffer gelöst.

#### Beispiel 7:

##### Subklonierung und Sequenzierung von TNF-BP cDNA Klonen 15 und 23

Um die cDNAs der Klone  $\lambda$ TNF-BP15 und  $\lambda$ TNF-BP23, die bei der Hybridisierung die stärksten Signale gezeigt hatten, näher zu charakterisieren, wurden die cDNA-Inserts mit EcoRI aus der  $\lambda$ -DNA herausgeschnitten, nach elektrophoretischer Auftrennung aus einem Agarosegel eluiert und mit Äthanol präzipitiert. Die DNA-Fragmente von 1.3 kb (von  $\lambda$ TNF-BP15) und 1.1 kb (von  $\lambda$ TNF-BP23) wurden mit EcoRI geschnittenem und mit alkalischer Phosphatase aus Kalbsdarm dephosphoryliertem Plasmidvektor pT7/T3 $\alpha$ -18 (Bethesda Research Laboratories) mit T4 DNA Ligase ligiert und E.coli JM101 transformiert. Von einzelnen Bakterienkolonien, die nach Selektion auf Agaroseplatten mit Ampicillin und X-gal keine blaue Färbung aufwiesen, wurde im Minipräparationsverfahren Plasmid-DNA hergestellt und durch Schneiden mit EcoRI und HindIII das Vorhandensein



und die Orientierung des cDNA Inserts festgestellt. Plasmide, die das EcoRI Insert der Phagen  $\lambda$ TNF-BP15 bzw.  $\lambda$ TNF-BP23 so orientiert enthielten, daß das dem 5'-Ende der mRNA entsprechende Ende dem T7 Promoter zugewandt ist, wurden pTNF-BP15 bzw. pTNF-BP23 benannt. Die EcoRI Inserts von  $\lambda$ TNF-BP15 und  $\lambda$ TNF-BP23 wurden ebenfalls in mit EcoRI geschnittenen und dephosphorylierten M13mp19 Vektor ligiert und E.coli JM101 transformiert. Von einigen wahllos ausgewählten M13 Klonen wurde Einzelstrang-DNA präpariert und als Vorlage für die Sequenzierung nach der Didesoxy-Methode verwendet.

An M13 Klonen, die die cDNA-Inserts in entgegengesetzter Orientierung enthielten, wurden mit dem universellen Sequenzierprimer und spezifisch synthetisierten Oligonukleotidprimern, die an das cDNA-Insert binden, beide DNA-Stränge vollständig sequenziert.

Die vollständige Nukleotidsequenz von 1334 Basen des cDNA-Inserts von  $\lambda$ TNF-BP15 bzw. pTNF-BP15 ist in Fig.1 dargestellt. Die Basen 1-6 und 1328-1334 entsprechen den EcoRI-Linkern, die bei der Herstellung der cDNA-Bibliothek an die cDNA angefügt worden waren.

Die Nukleotidsequenz des cDNA-Inserts von  $\lambda$ TNF-BP23 entspricht der von  $\lambda$ TNF-BP15 (Basen 22-1100), flankiert von EcoRI-Linkern.

Der Klon  $\lambda$ TNF-BP30 wurde ebenfalls untersucht; seine Sequenz entspricht  $\lambda$ TNF-BP15 mit dem Unterschied, daß die Sequenz eine Deletion von 74 bp (Nukleotid 764 bis 837) aufweist.

## Beispiel 8

### Konstruktion der Expressionsplasmide pAD-CMV1 und pAD-CMV2

Aus Teilen der Expressionsplasmide pCDM8 (Seed und Aruffo, 1987; Seed, 1987; Invitrogen), pSV2gptDHFR20 (EP-A1 0321 842) und dem Plasmid Bluescript SK+ (Short et al., 1988; Stratagene) wurde ein neues Plasmid konstruiert, das eine Multiklonierstelle für die gerichtete Insertion heterologer DNA-Sequenzen aufweist und sich in E.coli mittels Ampicillinresistenz mit hoher Kopienzahl vermehren läßt. Die intergenische Region von M13 ermöglicht die Herstellung einzelsträngiger Plasmid-DNA mittels Superinfektion der transformierten Bakterien mit einem Helferphagen (z.B. R408 oder M13K07) zur erleichterten Sequenzierung und Mutagenese der Plasmid-DNA. Der T7 Promoter, der der Multiklonierstelle vorangeht, ermöglicht die Herstellung von RNA Transkripten in vitro. In Säugetierzellen erfolgt die Expression heterologer Gene getrieben vom Cytomegalovirus (CMV) Promoter/Enhancer (Boshart et al., 1985). Der SV40 Replikationsursprung ermöglicht in geeigneten Zelllinien (z.B. SV40 transformierte Zellen wie COS-7, Adenovirus transformierte Zelllinie 293 (ATCC CRL1573) die autonome Replikation des Expressionsplasmides zu hohen Kopienzahlen und damit hohe Raten in transienter Expression. Für die Herstellung permanent transformierter Zelllinien und die nachfolgende Amplifikation der Expressionskassette mittels Methotrexat dient ein modifiziertes Hamster-Minigen (Promoter mit kodierendem Bereich und dem ersten Intron) für Dihydrofolatreduktase (DHFR) als

### Selektionsmarker.

#### a) Herstellung der Vektor- und Promoteranteile durch PCR

Das Plasmid Bluescript SK+ wurde mit HindIII linearisiert und 5 ng DNA in einem 100 µl PCR Ansatz eingesetzt (Reaktionspuffer: 50 mM KCl, 10 mM Tris-Cl pH=8,3, 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,01% (w/v) Gelatine, 0,2 mM der vier Desoxynukleotidtriphosphate (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), 2,5 Einheiten Taq Polymerase pro 100 µl). Als Primer wurden je 50 pmol der synthetischen Oligonukleotide EBI-1786 (5'-GGAATTCAGCCTGAA-TGGCGAATGGG-3'; bindet knapp außerhalb von M13 ori-Region in Bluescript Pos. 475, unabhängig von M13 ori-Orientierung) und EBI-1729 (5'-CCTCGAGCGTTGC-TGGCGTTTTTCC-3'; bindet an Bluescript an Pos. 1195 vor ori, entspricht dem Anfang der Bluescript-Sequenz in pCDM8, 6 Basen 5'ergeben XhoI) eingesetzt. Nach 5 Minuten Denaturieren bei 94°C erfolgte die PCR über 20 Zyklen (40 sec bei 94°C, 45 sec bei 55°C, 5 Min bei 72°C, Perkin Elmer Cetus Thermal Cycler). Die Oligonukleotide flankieren die intergenische Region von M13 bzw. den Replikationsursprung (ori) mit dem dazwischenliegenden Gen für die β-Lactamase. Gleichzeitig wird am Ende des Replikationsursprungs eine XhoI- und am anderen Ende eine EcoRI-Schnittstelle erzeugt. Das Reaktionsgemisch wurde durch Extraktion mit Phenol-Chloroform von Protein befreit und die DNA mit Ethanol präzipitiert. Die erhaltene DNA wurde mit XhoI und EcoRI geschnitten und nach Elektrophorese in einem Agarosegel ein Fragment mit 2,3 kb isoliert.

5 ng mit SacII linearisiertes Plasmid pCDM8 wurden mit den Oligonukleotiden EBI-1733 (5'-GGTCGACATTGA-TTATTGACTAG-3'; bindet an CMV-Promotorregion (Pos.

1542) von pCDM8, entspricht Pos.1 in pAD-CMV, Sali-Stelle für Klonierung) und EBI-1734 (5'-GGAATTCCTAG-GAATACAGCGG-3'; bindet an Polyoma origin von 3'SV40 polyA-Region in pCDM8 (Pos. 3590)) unter identischen Bedingungen wie für Bluescript SK+ beschrieben, durch PCR amplifiziert. Die Oligonukleotide binden am Beginn der CMV-Promoter/Enhancer-Sequenz und erzeugen eine Sali Schnittstelle (EBI-1733) bzw. binden am Ende der SV40 poly-Adenylierungsstelle und erzeugen eine EcoRI Schnittstelle (EBI-1734). Das PCR-Produkt wurde mit Sali und EcoRI geschnitten und ein DNA Fragment von 1,8 kb aus einem Agarosegel isoliert.

Die beiden PCR Produkte wurden mit T4 DNA-Ligase ligiert, mit dem erhaltenen Ligationsprodukt E.coli HB101 transformiert und nach Standardmethoden Plasmid-DNA amplifiziert und präpariert. Das Plasmid der gewünschten Beschaffenheit (siehe Fig.3) wurde pCMV-M13 benannt.

Der SV40 Replikationsursprung (SV40 ori) wurde aus dem Plasmid pSV2gptDHFR20 (EP-A1 0321842) isoliert. Dazu wurde dieses Plasmid mit HindIII und PvuII doppelt geschnitten und die DNA-Enden durch nachfolgende Behandlung mit dem großen Fragment der E.coli DNA Polymerase (Klenow Enzym) in Gegenwart der vier Desoxynukleotidtriphosphate stumpf gemacht. Ein dabei erhaltenes 0,36 kb DNA Fragment wurde aus einem Agarosegel isoliert und in mit EcoRI linearisiertem pCMV-M13 ligiert. Ein nach Transformation von E.coli HB101 erhaltenes Plasmid mit dem SV40 ori in gleicher Orientierung wie das  $\beta$ -Lactamase Gen und dem CMV-Promoter wurde pCMV-SV40 benannt. Die Konstruktion dieses Plasmids ist in Fig.3 dargestellt.

b) Mutagenese des DHFR-Gens

Zur Herstellung eines Expressionsplasmids mit einer vielseitigen Multiklonierstelle wurden aus dem DHFR Minigen durch gerichtete Mutagenese zwei und durch Deletion drei Restriktionsenzymchnittstellen entfernt. Dazu wurde aus dem Plasmid pSV2gptDHFR20 ein 1,7 kb BglII Fragment, das die gesamte kodierende Region des Hamster DHFR-Gens enthält, in die BglII Stelle des Plasmids pUC219 (IBI) kloniert und das Plasmid pUCDHFR erhalten. Mit pUCDHFR transformierte E.coli JM109 (Stratagene) Zellen wurden mit etwa 40-fachem Überschuß des Helferphagen R408 (Stratagene) infiziert und 16 Stunden bei 37°C in LB-Medium geschüttelt. Aus dem Bakterienüberstand wurde einzelsträngige Plasmid-DNA isoliert.

Die gerichtete Mutagenese erfolgte in zwei aufeinanderfolgenden Schritten, wobei das in vitro Mutagenese System RPN1523 (Amersham) verwendet wurde. Die am Beginn von Exon 2 befindliche EcoRI Stelle wurde durch Austausch einer Base von GAATTC zu GAGTTC zerstört. Dieser Basenaustausch führt zu keiner Änderung der kodierten Aminosäuresequenz und entspricht außerdem der Nukleotidsequenz im natürlichen murinen DHFR-Gen (McGrogan et al., 1985, Mitchell et al., 1986). Für die Mutagenese wurde ein Oligonukleotid (Antisense-Orientierung) der Sequenz 5'-GTACTTGA-ACTCGTTCCTG-3' (EBI-1751) verwendet. Ein Plasmid mit der gewünschten Mutation wurde, wie oben beschrieben, als Einzelstrang-DNA präpariert und die im ersten Intron befindliche PstI Stelle durch Mutagenese mit dem Oligonukleotid EBI-1857 (Antisense Orientierung, 5'-GGCAAGGGCAGCAGCCGG-3') von CTGCAG in CTGCTG entfernt. Die Mutationen wurden durch Sequenzierung bestätigt und

das erhaltene Plasmid pUCDHFR-Mut2 benannt.

Aus dem Plasmid pUCDHFR-Mut2 wurde das 1,7 kb BglII Fragment isoliert und in mit BglII und BamHI doppelt geschnittenes Plasmid pSV2gptDHFR20 ligiert. Nach Transformation von E.coli, Amplifikation und DNA-Isolierung wurde ein Plasmid der gewünschten Beschaffenheit erhalten, das als pSV2gptDHFR-Mut2 bezeichnet wurde. Durch Schneiden mit BamHI wurde in der 3'-nicht-kodierenden Region des DHFR Gens ein auf die BglII Stelle folgendes 0,12 kb DNA-Fragment entfernt, das außerdem noch eine KpnI Schnittstelle enthält. Durch Verknüpfen der mit BglII und BamHI entstandenen überhängenden DNA-Enden wurden auch die Erkennungssequenzen für diese beiden Enzyme zerstört.

Das Plasmid pCMV-SV40 wurde mit EcoRI und BamHI doppelt geschnitten, die DNA-Enden nachfolgend mit Klenow-Enzym stumpf gemacht. Die DNA wurde durch Extraktion mit Phenol-Chloroform und Ethanol-fällung gereinigt, anschließend durch Inkubation mit alkalischer Phosphatase dephosphoryliert und die 4,4 kb lange Vektor DNA aus einem Agarosegel isoliert.

Das Plasmid pSV2gptDHFR-Mut2 (Fig.4) wurde mit EcoRI und PstI doppelt geschnitten und die DNA-Enden durch 20 Minuten Inkubation bei 11°C mit 5 Einheiten T4 DNA-Polymerase (50 mM Tris- HCl pH=8,0, 5 mM MgCl<sub>2</sub>, 5 mM Dithiothreitol, 0,1 mM jedes der vier Desoxynukleotid-triphosphate, 50 µg/ml Rinderserumalbumin) stumpf gemacht. Das 2,4 kb lange DNA-Fragment mit dem mutierten DHFR-Gen wurde aus einem Agarosegel isoliert und mit dem wie oben beschrieben präparierten pCMV-SV40 ligiert. Ein nach Transformation von E.coli erhaltenes Plasmid, das das DHFR-Gen in der selben Orientierung wie den CMV-Promoter enthielt, wurde pCMV-SV40DHFR

benannt.

Im letzten Schritt wurde das 0,4kb "Stuffer"-Fragment nach dem CMV-Promoter, das noch aus dem Ausgangsplasmid pCDM8 stammte, gegen eine Multiklonierstelle ausgetauscht. Dazu wurde das Plasmid pCMV-SV40DHFR mit HindIII und XbaI doppelt geschnitten und der Vektoranteil aus einem Agarosegel isoliert. Die Multiklonierstelle, gebildet aus den beiden Oligonukleotiden EBI-1823 (5'-AGCTTCTGCAGGTGCA-CATCGATGGATCCGGTACCTCGAGCGGCCGCGAATTCT-3') und EBI-1829 (5'-CTAGAGAATTCGCGGCCGCTCGAGGTACCGGATCCATCGATG-TCGACCTGCAGA-3'), enthält inklusive der für die Klonierung in HindIII - XbaI kompatiblen Enden Restriktionsschnittstellen für die Enzyme PstI, SalI, ClaI, BamHI, KpnI, XhoI, NotI und EcoRI.

Je 1 µg der beiden Oligonukleotide wurden in 20 µl Reaktionspuffer (70 mM Tris-Cl pH=7,6, 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 5 mM Dithiothreitol, 0,1 mM ATP) mit 5 Einheiten T4 Polynukleotidkinase eine Stunde bei 37°C inkubiert, um die 5'-Enden zu phosphorylieren. Die Reaktion wurde durch 10 minütiges Erhitzen auf 70°C gestoppt und die komplementären Oligonukleotide miteinander hybridisiert, indem die Probe weitere 10 Minuten bei 56°C inkubiert und anschließend langsam auf Raumtemperatur abgekühlt wurde. 4 µl der hybridisierten Oligonukleotide (100 ng) wurden mit etwa 100 ng Plasmidvektor ligiert und E.coli HB101 transformiert. Ein Plasmid, das sich mit den Enzymen der Multiklonierstelle (ausgenommen NotI) linearisieren ließ, wurde pAD-CMV1 benannt. Von vielen getesteten Klonen konnte keiner identifiziert werden, dessen Plasmid sich mit NotI schneiden ließ. Die Sequenzierung zeigte immer die Deletion von einigen Basen innerhalb der NotI Erkennungssequenz.

In gleicher Weise wurde mit dem Oligonukleotidpaar EBI-1820 (5'-AGCTCTAGAGAATTCGCGGCCGCTCGAGGT-ACCGGATCCATCGATGTCGACCTGCAGAAGCTTG-3') und EBI-1821 (5'-CTAGCAAGCTTCTGCAGGTCGACATCGATGGATCCGGTACCTCGAGCG-GCCGCGAATTCTCTAG-3') das Expressionsplasmid pAD-CMV2 hergestellt, das die Restriktionsschnittstellen innerhalb der Multiklonierstelle in umgekehrter Reihenfolge enthält. Dabei wurde das Plasmid pAD-CMV2 erhalten, das sich mit sämtlichen Restriktionsenzymen, einschließlich NotI, linearisieren ließ.

Die Nukleotidsequenz des 6414 bp großen Plasmids pAD-CMV1 (Fig.5) ist zur Gänze in Fig.6 dargestellt.

Die Abschnitte auf dem Plasmid (angegeben in der Numerierung der Basen) entsprechen folgenden Sequenzen:

1- 21	EBI-1733, Beginn CMV Enhancer - Promotor (aus CDM8)
632-649	T7 Promotor
658-713	Multiklonierstelle (HindIII bis XbaI aus EBI-1823, EBI-1829)
714-1412	SV40 Intron und poly-Adenylierungsstelle (aus CDM8)
1413-2310	5'nicht kodierende Region und Promotor des Hamster DHFR Gen (aus pSV2gptDHFR20)
2311-2396	Hamster DHFR: Exon 1
2516	A zu T Mutation zerstört PstI Stelle in DHFR Intron 1
2701-3178	DHFR Exons 2-6 (kodierende Region)
2707	A zu G Mutation zerstört EcoRI Stelle
3272-3273	Deletion zwischen BglII und BamHI in DHFR 3'nicht kodierender Region
3831	Ende DHFR Gen (aus pSV2gptDHFR20)
3832-4169	SV40 ori (aus pSV2gptDHFR20)



4170-4648 M13 ori (aus pBluescript SK+)  
 4780-5640  $\beta$ -Lactamase (kodierende Region)  
 6395-6414 EBI-1729, Ende der pBluescript Vektorsequenz

Die Herstellung der Plasmide pAD-CMV1 und pAD-CMV2 ist in Fig.5 dargestellt.

### Beispiel 9

Konstruktion des Plasmids pADTNF-BP für die Expression der löslichen Form von TNF-BP

Um auf direktem Weg die sekretierte Form von TNF-BP herzustellen, wurde in der für einen Teil des TNF-Rezeptors kodierenden cDNA (vgl. Beispiel 7; im folgenden als TNF-R cDNA bezeichnet) nach dem Codon der C-terminalen Aminosäure des natürlichen TNF-BP (AAT, Asn-172; entspricht Pos.201 in Fig.9) ein Translationsstopcodon eingeführt. Dadurch wird die Proteinsynthese an dieser Stelle abgebrochen und ermöglicht, TNF-BP direkt in den Zellüberstand zu sekretieren, ohne eine nachfolgende, möglicherweise geschwindigkeitsbestimmende Reaktion einer proteolytischen Abspaltung in C-terminaler Richtung gelegener Abschnitte des TNF-Rezeptors durchlaufen zu müssen.

Gleichzeitig mit der Einführung des Stopcodons mittels PCR wurde die 5'-nicht kodierende Region der TNF-R cDNA verkürzt, um das Translationsstartcodon eines weiteren offenen Leserahmens (Basen 72-203 in Fig.9), der sich 5' von dem des TNF-R befindet, zu entfernen, und am 5'- bzw. 3'-Ende der cDNA eine BamHI bzw. EcoRI Schnittstelle eingeführt.

100 ng mit XmnI linearisiertes Plasmid pTNF-BP15 (vgl. Beispiel 7) wurden mit je 50 pmol der Oligonukleotide EBI-1986 (Sense, 5'-CAGGATCCGAGTCTCAACCCTCAAC-3') und EBI-1929 (Antisense, 5'-GGGAATTCCTTATCAATTCTCAATCTGGGGTAGGCACAACCTTC-3'; Einführung zweier Stop-Codons und einer EcoRI Stelle) in einem 100 µl PCR-Ansatz über 10 Zyklen amplifiziert. Die Zyklusbedingungen waren 40 Sekunden bei 94°C, 45 Sekunden bei 55°C und 5 Minuten bei 72°C. Nach dem letzten Zyklus wurde für weitere 7 Minuten bei 72°C inkubiert und die Reaktion durch Extraktion mit Phenol-Chloroform gestoppt. Die DNA wurde mit Ethanol präzipitiert und anschließend mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten. Das entstandene 0,75 kb DNA Fragment wurde aus einem Agarosegel isoliert und in mit BamHI und EcoRI doppelt geschnittenes Plasmid pT7/T3α-19 (BRL) kloniert. Eines der erhaltenen Plasmide, von dem aufgrund der Sequenzierung des gesamten Inserts festgestellt worden war, daß es die gewünschte Sequenz aufwies, wurde pTNF-BP benannt.

pTNF-BP wurde mit BamHI und EcoRI geschnitten und das 0,75 kb DNA Insert in das mit BamHI und EcoRI geschnittene Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert. Ein erhaltenes Plasmid der gewünschten Zusammensetzung wurde pADTNF-BP benannt (Fig.7A).

#### Beispiel 10

Konstruktion des Plasmides pADBTNF-BP für die Expression der löslichen Form von TNF-BP

Für eine weitere Variante eines Expressionsplasmides für die Produktion von sekretiertem TNF-BP wurde die 5'-nicht kodierende Region der TNF-R cDNA gegen die

5'-nicht kodierende Region der humanen  $\beta$ -Globin mRNA ausgetauscht. Der Grund dafür war die Feststellung, daß die Nukleotidsequenz unmittelbar vor dem Translationsstartcodon der TNF-R Sequenz deutlich von der für effiziente Expression eukaryotischer Gene gefundenen Konsensussequenz (Kozak, 1987) abweicht, wogegen die 5'-nicht kodierende Region der  $\beta$ -Globin mRNA sehr gut mit dieser Konsensussequenz übereinstimmt (Lawn et al., 1980). Mittels des Oligonukleotids EBI-2452 (5'-CACAGTCGACTTACATTTGCTTCTGACACAACCTGTGTTCACTAGCAACCTCAAACAGACACCATGGGCTCTCCACCGTGC-3'), das nach einer Sali Restriktionsschnittstelle die authentische 5'-nicht kodierende Sequenz, entsprechend der humanen  $\beta$ -Globin mRNA-Sequenz, gefolgt von 20 Basen der kodierenden Region von TNF-BP enthielt, wurde in einer PCR die TNF-R Sequenz modifiziert. 100 ng mit EcoRI linearisiertes Plasmid pTNF-BP wurden in 100  $\mu$ l Reaktionsansatz mit je 50 pmol der Oligonukleotide EBI-2452 und EBI-1922 (Antisense, 5'-GAGGCTGCAATTGAAGC-3'; bindet an die huTNF-R Sequenz bei Pos. 656) in 20 PCR-Zyklen (40 sec bei 94°C, 45 sec bei 55°C, 90 sec bei 72°C) amplifiziert. Nach Reinigung des PCR-Produktes durch Extraktion mit Phenol-Chloroform und Ethanol-fällung wurde die DNA mit Sali und BglII doppelt geschnitten und das entstandene 0,51 kb DNA Fragment aus einem Agarosegel isoliert. Der entsprechende Teil der TNF-R Sequenz wurde aus dem Plasmid pTNF-BP durch Schneiden mit Sali und BglII entfernt, der 3,1 kb lange Plasmidteil aus einem Agarosegel isoliert und mit dem 0,51 kb langen PCR-Produkt ligiert. Nach Transformation von E.coli wurden sieben der erhaltenen Plasmide sequenziert. Eines dieser Plasmide enthielt genau die gewünschte Sequenz. Dieses Plasmid wurde pBTNF-BP benannt.

Das gesamte SalI - EcoRI Insert von pBTNF-BP wurde in das ebenso geschnittene Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert und das erhaltene Plasmid pADBTNF-BP benannt (Fig.7B).

#### Beispiel 11

##### Isolierung von Ratten TNF-R cDNA Klonen

Zunächst wurde eine Rattenhirn-cDNA analog der HS913T cDNA Bibliothek (vgl. Beispiel 4) aus der Ratten Glia Tumor Zelllinie C6 (ATCC Nr. CCL107) in  $\lambda$ -gt11 hergestellt.

600.000 Phagen der Rattenhirn cDNA Bibliothek in  $\lambda$ -gt11 wurden, wie in Beispiel 6 beschrieben, durch Hybridisierung gescreent. Als Sonde wurde das gereinigte EcoRI Insert von pTNF-BP30 (vgl. Beispiel 6) verwendet. Etwa 100 ng DNA wurden mit 1  $\mu$ g Random Hexamer Primer anstatt der spezifischen Oligonukleotide, wie in Beispiel 6 beschrieben, mit [ $\alpha$ - $^{32}$ P]dCTP radioaktiv markiert. Eingebaut wurden  $25 \times 10^6$  cpm. Die Hybridisierung der Filter erfolgte unter gleichen Bedingungen wie in Beispiel 6. Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 2xSSC/0,1% SDS und dreimal 30 Minuten bei 65°C in 2xSSC/0,1%SDS und zweimal 30 Minuten bei 65°C in 0,5xSSC/0,5%SDS gewaschen. Die luftgetrockneten Filter wurden anschließend an Kodak XAR Röntgenfilm 16 Stunden unter Verwendung einer Verstärkerfolie bei -70°C exponiert. Insgesamt wurden 10 hybridisierende Plaques identifiziert und durch Plaquareinigung vereinzelt. Nach dreimaliger Plaquareinigung wurden schließlich drei  $\lambda$ -Klone ( $\lambda$ -raTNF-R #3, 4, 8) vereinzelt und die Phagen DNA, wie beschrieben, dargestellt.

Die Länge der cDNA Inserts wurde nach Schneiden der  $\lambda$ -DNA mit EcoRI und Auftrennung in einem Agarosegel mit 2,2 kb für die Klone ratTNF-R3 und ratTNF-R8 und 2,1 kb für Klon ratTNF-R4 bestimmt. Die EcoRI Inserts der Klone  $\lambda$ ratTNF-R3 und 8 wurden in ebenso geschnittenen M13mp19 kloniert und die DNA Sequenz mit universellen Sequenzierprimern und spezifisch synthetisierten Oligonukleotidprimern bestimmt.

Die vollständige Nukleotidsequenz von ratTNF-R8 ist in Fig.8 dargestellt. Die ersten und letzten sieben Basen entsprechen den EcoRI-Linkern, die bei der Herstellung der cDNA-Bibliothek angefügt worden waren.

#### Beispiel 12

Isolierung eines Klons, enthaltend die vollständige für den humanen TNF-Rezeptor kodierende cDNA

Die vollständige cDNA des Ratten TNF-R erleichterte die Suche nach dem noch fehlenden 3'-Teil der humanen TNF-R cDNA.

Als Sonde für die Hybridisierung wurde das 0,4 kb lange PCR-Produkt der Primer EBI-2316 (5'-ATTCGTGCGGCGCCTAG-3'; bindet an TNF-R mit 2.Base von EcoRI, an der TNF-R cDNA abbricht) und EBI-2467 (5'-GTCGGTAGCACCAAGGA-3'; bindet ca. 400 Basen vor poly-A an cDNA-Klon, entspricht Pos. 1775 in ratTNF-R) mit  $\lambda$ ratTNF-R8 als Vorlage eingesetzt. Dieses DNA Fragment entspricht der Region der Ratten TNF-R cDNA, von der angenommen wurde, daß sie der, welche der internen EcoRI Stelle im humanen TNF-R folgt, entspricht.

2,5x10<sup>6</sup> cpm der raTNF-R Sonde wurden eingesetzt, um 600.000 Plaques der HS913T cDNA-Bibliothek zu hybridisieren. Die Hybridisierungsbedingungen entsprachen den in Beispiel 6 angegebenen. Die Filter wurden zweimal 30 Minuten bei Raumtemperatur in 2xSSC/0,1%SDS und zweimal 30 Minuten bei 65°C in 2xSSC/0,1%SDS gewaschen, an der Luft getrocknet und an Kodak XAR Röntgenfilm unter Verwendung einer Verstärkerfolie 3 Tage bei -70°C exponiert. Sechs positive Plaques wurden identifiziert, in zwei weiteren Runden Plaques gereinigt und  $\lambda$ -DNA dargestellt ( $\lambda$ -TNF-R #2, 5, 6, 8, 11, 12). Nach Schneiden der  $\lambda$ -DNA mit EcoRI wiesen alle Klone eine DNA Bande mit etwa 0,8 kb Länge auf.  $\lambda$ TNF-R2 und 11 enthielten zusätzlich ein EcoRI Fragment mit 1,3 kb. Die beiden EcoRI Inserts aus  $\lambda$ TNF-R2 wurden in die EcoRI Stelle von Plasmid pUC218 (IBI) subkloniert und anschließend sequenziert. Die Sequenz des 1,3 kb EcoRI Fragments entsprach der von cDNA Klon pTNF-BP15, das 0,8 kb EcoRI Fragment entspricht dem 3'-Abschnitt der TNF-R mRNA und enthält vor der EcoRI-Linker Sequenz einen poly-A Schwanz mit 16 A Resten.  $\lambda$ TNF-R2 enthält demnach die vollständige kodierende Region des humanen TNF-R, dargestellt in Fig.9.

### Beispiel 13

Konstruktion der Plasmide pADTNF-R und pADBTNF-R für die Expression des gesamten humanen TNF-Rezeptors

Zunächst wurde, ähnlich wie im Beispiel 9 für pTNF-BP bzw. pADTNF-BP beschrieben, ein Plasmid konstruiert, in dem die 5'-nicht kodierende Region von pTNF-BP15 verkürzt, im Unterschied zu den im Beispiel 9 beschriebenen Plasmiden jedoch das 3'-Ende von pTNF-BP15 beibehalten wurde. Dazu wurde unter identischen Bedingungen wie in Beispiel 9 mit dem Oligonukleotid

EBI-1986 und dem M13 -40 Universalprimer (5'-GTTTTCCCAGTCACGAC-3') pTNF-BP15 mit PCR amplifiziert. Das PCR Produkt wurde mit BamHI und EcoRI doppelt geschnitten und in das Plasmid pT7/T3 $\alpha$ -19 kloniert. Eines der erhaltenen Plasmide wurde pTNF-BP15B benannt.

pTNF-BP15B wurde mit BamHI und EcoRI geschnitten und das 1,26 kb DNA Insert in mit BamHI und EcoRI geschnittenen Expressionsplasmid pAD-CMV1 kloniert. Ein erhaltenes Plasmid der gewünschten Zusammensetzung wurde pADTNF-BP15 benannt.

Dieses Plasmid wurde mit EcoRI linearisiert und in die Schnittstelle das 0,8 kb EcoRI Fragment, isoliert aus  $\lambda$ TNF-R2, kloniert. Nach Transformation von E.coli wurden einige wahllos isolierte Plasmide durch Schneiden mit verschiedenen Restriktionsenzymen auf die korrekte Orientierung des eingesetzten EcoRI Fragments überprüft. Ein Plasmid, bezeichnet als pADTNF-R (Fig.7C), wurde noch genauer auf korrekte Orientierung untersucht, indem das Insert ausgehend vom 3'-Ende der insertierten cDNA mit dem Oligonukleotid EBI-2112 (5'-GTCCAATTATGTCACACC-3'), das nach der Multiklonierstelle an das Plasmid pAD-CMV1 und seine Derivate bindet, sequenziert wurde.

Ein weiteres Expressionsplasmid, in dem die 5'-nicht kodierende Region des TNF-R gegen die von  $\beta$ -Globin ausgetauscht ist, wurde konstruiert. Plasmid pADBTNF-BP wurde mit BglII vollständig geschnitten, um das 1,1 kb BglII Fragment zu entfernen, die DNA-Enden wurden nachfolgend mit alkalischer Phosphatase aus Kälberdarm dephosphoryliert und der Plasmidvektor (5,9 kb) mit der  $\beta$ -Globin 5'-nicht kodierenden Region des  $\beta$ -Globingens und dem 5'-Teil der TNF-R kodierenden Region aus einem Agarosegel isoliert. Plasmid pADTNF-R wurde mit BglII

geschnitten und das 2,5 kb DNA Fragment, enthaltend den 3'-Abschnitt der TNF-R cDNA bis zur Promoterregion des nachfolgenden DHFR-Gens, aus einem Agarosegel isoliert und in den zuvor präparierten Plasmidvektor kloniert. Ein nach Transformation von E.coli erhaltenes Plasmid mit dem in korrekter Orientierung insertierten BglII-Fragment wurde pADBTNF-R benannt (Fig.7D).

#### Beispiel 14

Expression von löslichem TNF-BP in eukaryotischen Zelllinien

##### a) ELISA-Test

In diesem Beispiel wurde der Nachweis von TNF-BP mittels ELISA-Test wie folgt durchgeführt:

96-Napf Mikrotiterplatten wurden pro Napf mit 50 µl 1:3000 verdünntem polyklonalem Kaninchen-Serum (polyklonale Kaninchenantikörper, hergestellt durch Präzipitation von Antiserum mit Ammoniumsulfat, Endkonzentration 50 % Sättigung) gegen natürliches TNF-BP 18 Stunden bei 4°C beschichtet, einmal mit 0,05% Tween-20 in PBS gewaschen und freie Bindungsstellen mit 150-200 µl 0,5% Rinderserumalbumin, 0,05% Tween-20 in PBS (PBS/BSS/Tween) eine Stunde bei Raumtemperatur blockiert. Die Näpfe wurden einmal mit 0,05% Tween-20 in PBS gewaschen und 50 µl Zellüberstand oder bekannte Mengen von natürlichem TNF-BP (vgl. Tab.3 und 4) und 50 µl einer 1:10.000-fachen Verdünnung eines polyklonalen Mäuseserums gegen TNF-BP aufgetragen und zwei Stunden bei Raumtemperatur inkubiert. Anschließend wurden die Näpfe dreimal mit 0,05% Tween-20 in PBS gewaschen und 50 µl Kaninchen anti-Maus Ig-Peroxidase



Konjugat (Dako P161; 1:5000 in PBS/BSA/Tween), zugegeben und weitere zwei Stunden bei Raumtemperatur inkubiert. Die Näpfe wurden dreimal mit Tween/PBS gewaschen und die Färbereaktion mit Orthophenylendiamin (3 mg/ml) und Na-Perborat (1 mg/ml) in 0,067M Kalium-Citrat pH 5,0, 100 µl/Napf, 20 Minuten bei Raumtemperatur unter Lichtschutz durchgeführt. Nach Zugabe von 100 µl 4N H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> wurde die Farbintensität bei einer Wellenlänge von 492 nm in einer Mikrofilmplatten-Photometer photometrisch gemessen.

b) Transiente Expression von löslichem TNF-BP in eukaryotischen Zelllinien

Etwa 10<sup>6</sup> Zellen (COS-7) pro 80 mm Petrischale wurden 24 Stunden vor der Transfektion in RPMI-1640 Medium mit 10% hitzeinaktiviertem fötalem Kälberserum angesetzt und bei 37°C in 5% CO<sub>2</sub> Atmosphäre inkubiert. Die Zellen wurden mit einem Gummischaber von der Petrischale gelöst und 5 Minuten bei 1200 UpM bei Raumtemperatur abzentrifugiert (Heraeus Minifuge, Ausschwing-Rotor 3360), einmal mit 5 ml serumfreiem Medium gewaschen, 5 Minuten bei 1200 UpM zentrifugiert und in 1 ml Medium, versetzt mit 250 µg/ml DEAE-Dextran und 10 µg Plasmid DNA (vgl. Tab.3, gereinigt durch zweimalige CsCl Dichtegradientenzentrifugation) suspendiert. Die Zellen wurden 40 Minuten bei 37°C inkubiert, einmal mit 5 ml Medium mit 10% Kälberserum gewaschen und in 5 ml Medium mit 100 µg/ml Chloroquin suspendiert. Die Zellen wurden eine Stunde bei 37°C inkubiert, einmal mit Medium gewaschen und mit 10 ml frischem Medium bei 37°C inkubiert. Nach 72 Stunden wurde der Zellüberstand geerntet und zum Nachweis des sekretierten TNF-BP verwendet.

Tabelle 3:

Zelllinie	COS-7
ohne Plasmid	< 5 ng/ml
pADTNF-BP	7,5 ng/ml
pADBTNF-BP	146 ng/ml

c) Herstellung permanent TNF-BP produzierender Zelllinien

Die Dihydrofolatreduktase(DHFR)-defiziente Hamster Ovarial Zelllinie CHO DUKX BII (Urlaub und Chasin, 1980) wurde mit Plasmid pADBTNF-BP mittels Kalzium-Phosphat Präzipitation transfiziert (Current protocols in molecular biology, 1987). Vier dicht bewachsene Zellkultur-Fläschchen (25 cm<sup>2</sup>, 5 ml Kulturmedium pro Fläschchen) wurden mit je 5 µg DNA transfiziert; nach vierstündiger Inkubation bei 37°C wurde das Medium entfernt und durch je 5 ml Selektionsmedium (MEM alpha Medium mit 10 % dialysiertem fötalem Rinderserum) ersetzt. Nach Inkubation über Nacht wurden die Zellen mittels Trypsin-Lösung abgelöst; die Zellen aus jedem Fläschchen wurden in zwei 96-Napf Gewebekulturplatten aufgeteilt (100 µl/Napf in Selektionsmedium). In etwa wöchentlichen Abständen wurde frisches Medium zugegeben. Nach etwa vier Wochen konnten in 79 Näpfen Zellklone beobachtet werden. Die Überstände wurden im ELISA auf TNF-BP Aktivität getestet. 37 Überstände zeigten Aktivität im ELISA. Die Ergebnisse des ELISA-Tests einiger positiver Klone ist in Tab.4 dargestellt.

Tabelle 4:

Probe                      Absorption bei 492 nm

---

TNF-BP Standard

1 ng/ml	0,390
10 ng/ml	1,233
100 ng/ml	1,875

---

Kulturmedium (Negativkontrolle) 0,085

---

Klon	A1G3	0,468
	A2F5	0,931
	A3A12	0,924
	A4B8	0,356
	A5A12	0,806
	A5B10	0,915
	A5C1	0,966

---

Beispiel 15:

RNA Analyse (Northern Blot) des humanen TNF-Rezeptors

Je 1 µg poly-A<sup>+</sup> RNA (isoliert aus HS913T (Fibrosarkom), Plazenta und Milz wurden in einem 1,5%igen vertikalen Agarosegel (10mM Na-Phosphatpuffer pH=7,0, 6,7 % Formaldehyd) elektrophoretisch aufgetrennt. Als Größenmarker wurde eine durch Einfüllreaktion mit (α-<sup>32</sup>P)dCTP und Klenow-Enzym radioaktiv markierte Kilobasenleiter (Bethesda Research Laboratories) verwendet. Das Formaldehyd wurde durch Wässern aus dem Gel entfernt und die RNA in 20x SSC auf eine Nylon-Membran (Genescreen plus, NEN-DuPont) transferiert. Die

RNA wurde durch UV-Bestrahlung (100 Sekunden) auf der Membran kovalent gebunden. Die Membran wurde 2 Stunden bei 65°C in Church-Puffer (Church and Gilbert, 1984), (0,5 M Na-Phosphat pH=7,2, 7 % SDS, 1 mM EDTA) prähybridisiert und 19 Stunden bei 65°C in frischem Church-Puffer mit  $3 \times 10^6$  cpm P-32 markierter DNA Sonde (EcoRI Insert von pTNF-BP30) hybridisiert. Das Filter wurde dreimal 10 Minuten bei Raumtemperatur in Waschpuffer (40 mM Na-Phosphat pH=7,2, 1 % SDS) und anschließend viermal 30 Minuten bei 65°C in Waschpuffer gewaschen und 18 Stunden auf Kodak XAR Röntgenfilm unter Verwendung einer Verstärkerfolie bei -70°C exponiert.

Das Autoradiogramm (Fig.10) zeigt eine singuläre RNA Bande einer Länge von 2,3 kb für den humanen TNF-Rezeptor in den analysierten Geweben bzw. der Zelllinie HS913T.

#### Beispiel 16:

##### Expression des TNF-Rezeptors

Für die transiente Expression wurden  $5 - 10 \times 10^7$  COS-7 Zellen 40 Minuten lang mit 10 µg pADTNF-R-Plasmid-DNA in einer Lösung enthaltend 250 µg/ml DEAE Dextran und 50 µg/ml Chloroquin inkubiert. Als Kontrolle wurde pADCMV-1-DNA verwendet. Nach der Transfektion wurden die Zellen gewaschen und anschließend 48 h lang gezüchtet. Die Expression des TNF-Rezeptors wurde durch Bindung von  $^{125}\text{I}$ -TNF nachgewiesen. Für die Bindungstests wurden die Zellen gewaschen, 1 h lang bei 4°C mit 10 ng  $^{125}\text{I}$ -TNF (spezifische Radioaktivität 38.000 cpm/ng) mit oder ohne 200fachen Überschuß an unmarkiertem TNF inkubiert, gewaschen, und die an die Zellen gebundene Radioaktivität in einem Gamma-Zähler

gemessen. Die spezifische Bindung betrug bei der Kontrollprobe 2062 cpm, bei den mit TNF-Rezeptor DNA transformierten Proben 6150 cpm (die Werte sind ausgedrückt als mittlere gebundene cpm; die Standardabweichung, bestimmt aus Parallelversuchen, ist berücksichtigt. Unspezifischer Untergrund in Anwesenheit von unmarkiertem TNF wurde von den Werten abgezogen).

Literatur:

- Aggarwal, B.B., et al., 1985, Nature 318, 655-667
- Beutler B., et al., 1988, Ann. Rev. Biochem. 57, 505-18
- Beutler, B., et al., 1985, Nature 316, 552 - 554
- Boshart, M., et al., 1985, Cell 41, 521-530
- Carswell, E.A., et al., 1975, Proc.Natl.Acad.Sci.25,  
3666-3670
- Cerami, A., et al., 1988, Immunol. Today 9, 28-31
- Church und Gilbert, 1984, Proc.Natl.Acad.Sci. 81,  
1991-1995
- Creasey, A.A., et al., 1987, Proc.Natl.Acad.Sci. 84,  
3293-3297
- Engelmann, H., et al., 1990, J.Biol.Chem.265, 1531-1536
- Frohman, M.A., et al., 1988, Proc.Natl.Acad.Sci. 85,  
8998-9002
- Gullberg, U., et al., 1987, Eur. J. Haematol. 39,  
241-251
- Hsieng, S.L., et al., 1988, J. Chromatography 447,  
351-364
- Klebanoff, S.J., et al., 1986, J. Immunol. 136,  
4220-4225
- Kozak M., 1987, Nucleic Acids Res. 15, 8125-8148
- Laemmli, U.K., 1970, Nature 227, 680-4
- Lawn, et al., 1980, Cell 21, 647-651
- Locksley, R.M., et al. 1987. J.Imunol. 139, 1891-1895
- Mahoney, J.R., et al., 1985, J. Immunol. 134,  
1673-1675
- Maniatis, T., et al., 1982, Molecular Cloning A  
laboratory Manual. Cold Spring Harbor  
Laboratory, 474
- McGrogan, M., et al., 1985, J.Biol.Chem. 260, 2307-2314
- Mestan, J., et al., 1986, Nature 323, 816-819
- Mitchell, P.J., et al., 1986, Mol.Cell.Biol. 6, 425-440

- Oakley, B.R., et al., 1986, *Analyt. Biochem.* 105,  
361-363
- Old, L.J., 1987, *Nature* 326, 330-331
- Oliff A., et al., 1987, *Cell* 555-63
- Olsson I., et al., 1988, *Eur.J. Haematol.* 41, 414 - 420
- Olsson I., et al., 1989, *Eur.J. Haematol.* 42, 270 - 275
- Pieler Ch., 1987, *Dissertation, Universität Wien*
- Piguet, P.F., et al., 1987, *Immunobiol.* 175, 27
- Saiki, R.K., 1988, *Science* 239, 487-491
- Sanger et al., 1977, *Proc.Natl.Acad.Sci.* 74, 5463-5467
- Seckinger P., et al., 1988, *J. Exp. Med.*, 1511-16
- Seckinger, P., et al., 1987, *J. Immunol.* 139, 1546-1549
- Seed und Aruffo, 1987, *Proc.Natl.Acad.Sci.* 84,  
8573-8577
- Seed, B., 1987, *Nature* 329, 840-842
- Shalaby, M.R., et al., 1985, *J. Immunol.* 135, 2069-2073
- Short, J.M., et al., 1988, *Nucl.Acids Res.* 11, 5521-5540
- Staden, R., 1982, *Nucleic Acid Res.* 10, 4731-4751
- Stauber, G.B., et al., 1988, *J.Biolog.Chem.* 35,  
Vol.263, 19098-19104
- Stauber, G.B., et al., 1989, *J.Biolog.Chem.* 6, Vol.264,  
3573-3576
- Torti, F.M. et al., 1985, *Nature* 229:867-869
- Tracey, K.J., et al., 1987, *Nature* 330, 662-666
- Tracey, K.J., et al., 1986, *Science* 234, 470-474
- Urlaub und Chasin, 1980, *Proc.Natl.Acad.Sci.* 77,  
4216-4220
- Waage, A., et al., 1987, *Lancet.* ii, 355-357
- Wong, G.H.W., et al., 1986, *Nature* 323, 819-822

# Patentansprüche

1. DNA, kodierend für einen TNF-Rezeptor oder für Fragmente davon, dadurch gekennzeichnet, daß sie die Formel

```

ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CTG CCA
CTG GTG CTC CTG GAG CTG TTG GTG GGA ATA TAC CCC
TCA GGG GTT ATT GGA CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC
AGG GAG AAG AGA GAT AGT GTG TGT CCC CAA GGA AAA
TAT ATC CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC
AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT
CCA GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT
GAG AGC GGC TCC TTC ACC GCT TCA GAA AAC CAC CTC
AGA CAC TGC CTC AGC TGC TCC AAA TGC CGA AAG GAA
ATG GGT CAG GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC
CGG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC
CGG CAT TAT TGG AGT GAA AAC CTT TTC CAG TGC TTC
AAT TGC AGC CTC TGC CTC AAT GGG ACC GTG CAC CTC
TCC TGC CAG GAG AAA CAG AAC ACC GTG TGC ACC TGC
CAT GCA GGT TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC
TCC TGT AGT AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG TGC ACG
AAG TTG TGC CTA CCC CAG ATT GAG AAT GTT AAG GGC
ACT GAG GAC TCA GGC ACC ACA GTG CTG TTG CCC CTG
GTC ATT TTC TTT GGT CTT TGC CTT TTA TCC CTC CTC
TTC ATT GGT TTA ATG TAT CGC TAC CAA CGG TGG AAG
TCC AAG CTC TAC TCC ATT GTT TGT GGG AAA TCG ACA
CCT GAA AAA GAG GGG GAG CTT GAA GGA ACT ACT ACT
AAG CCC CTG GCC CCA AAC CCA AGC TTC AGT CCC ACT
CCA GGC TTC ACC CCC ACC CTG GGC TTC AGT CCC GTG
CCC AGT TCC ACC TTC ACC TCC AGC TCC ACC TAT ACC
CCC GGT GAC TGT CCC AAC TTT GCG GCT CCC CGC AGA
GAG GTG GCA CCA CCC TAT CAG GGG GCT GAC CCC ATC
CTT GCG ACA GCC CTC GCC TCC GAC CCC ATC CCC AAC
CCC CTT CAG AAG TGG GAG GAC AGC GCC CAC AAG CCA
CAG AGC CTA GAC ACT GAT GAC CCC GCG ACG CTG TAC
    
```



GCC GTG GTG GAG AAC GTG CCC CCG TTG CGC TGG AAG  
 GAA TTC GTG CGG CGC CTA GGG CTG AGC GAC CAC GAG  
 ATC GAT CGG CTG GAG CTG CAG AAC GGG CGC TGC CTG  
 CGC GAG GCG CAA TAC AGC ATG CTG GCG ACC TGG AGG  
 CGG CGC ACG CCG CGG CGC GAG GCC ACG CTG GAG CTG  
 CTG GGA CGC GTG CTC CGC GAC ATG GAC CTG CTG GGC  
 TGC CTG GAG GAC ATC GAG GAG GCG CTT TGC GGC CCC  
 GCC GCC CTC CCG CCC GCG CCC AGT CTT CTC AGA TGA  
 oder Abschnitte davon aufweist, einschließlich  
 ihrer degenerierten Varianten.

2. DNA nach Anspruch 1, kodierend für sekretierbares  
 TNF-bindendes Protein, dadurch gekennzeichnet, daß  
 sie die Formel

R<sup>2</sup> GAT AGT GTG TGT CCC CAA GGA AAA TAT ATC CAC  
 CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC AAG TGC CAC  
 AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG  
 GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC  
 TCC TTC ACC GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC  
 CTC AGC TGC TCC AAA TGC CGA AAG GAA ATG GGT CAG  
 GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC CGG GAC ACC  
 GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC CGG CAT TAT  
 TGG AGT GAA AAC CTT TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC  
 CTC TGC CTC AAT GGG ACC GTG CAC CTC TCC TGC CAG  
 GAG AAA CAG AAC ACC GTG TGC ACC TGC CAT GCA GGT  
 TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC TCC TGT AGT  
 AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG TGC ACG AAG TTG TGC  
 CTA CCC CAG ATT GAG AAT

aufweist, wobei R<sup>2</sup> gegebenenfalls fehlt oder eine  
 für ein in vivo abspaltbares (Poly)peptid  
 kodierende DNA darstellt, einschließlich ihrer  
 degenerierten Varianten.

3. DNA nach Anspruch 2, kodierend für sekretierbares TNF bindendes Protein, dadurch gekennzeichnet, daß sie die in Anspruch 2 definierte Formel aufweist, wobei  $R^2$  eine zur Gänze oder teilweise für eine Signalsequenz kodierende DNA darstellt.
4. DNA nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß  $R^2$  die Formel CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA aufweist.
5. DNA nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß  $R^2$  für  $R^3$  CTG GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA steht, wobei  $R^3$  eine für ein Signalpeptid kodierende DNA darstellt.
6. DNA nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, daß  $R^3$  für  
 ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CTG CCA  
 CTG GTG CTC CTG GAG CTG TTG GTG GGA ATA TAC CCC  
 TCA GGG GTT ATT GGA  
 steht.
7. Nukleinsäuren, dadurch gekennzeichnet, daß sie mit der im Anspruch 1 definierten DNA oder Abschnitten davon unter Bedingungen niedriger Stringenz hybridisieren und für ein Polypeptid mit der Fähigkeit, TNF zu binden, kodieren oder die für ein solches Polypeptid kodierende Sequenz enthalten.
8. Rekombinantes DNA-Molekül, dadurch gekennzeichnet, daß es die in Anspruch 1 definierte DNA-Sequenz oder eine degenerierte Variante oder mindestens ein Fragment davon enthält.

9. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 8, replizierbar in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen, dadurch gekennzeichnet, daß es, funktionell verbunden mit der in Anspruch 2 definierten DNA-Sequenz oder einer degenerierten Variante oder mindestens einem Fragment davon, Expressionskontrollsequenzen enthält.
10. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 9, replizierbar in Säugetierzellen.
11. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 9, dadurch gekennzeichnet, daß es eine in einem der Ansprüche 2 bis 6 definierte DNA enthält.
12. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß es die in Anspruch 6 definierte DNA enthält.
13. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 12 mit der Bezeichnung pADTNF-BP.
14. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 12 mit der Bezeichnung pADBTNF-BP.
15. Rekombinantes DNA-Molekül, replizierbar in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtsorganismen, dadurch gekennzeichnet, daß es eine in Anspruch 1 definierte, gegebenenfalls modifizierte, DNA oder mindestens ein Fragment davon enthält.
16. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 15, replizierbar in Säugetierzellen.

17. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 16 mit der Bezeichnung pADTNF-R.
18. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 16 mit der Bezeichnung pADBTNF-R.
19. Wirtsorganismus, transformiert mit mindestens einem der in den Ansprüchen 11 bis 14 definierten rekombinanten DNA-Moleküle.
20. Wirtsorganismus, transformiert mit einem in den Ansprüchen 15 bis 18 definierten rekombinanten DNA-Molekül.
21. Rekombinantes Polypeptid, dadurch gekennzeichnet, daß es von einer in Anspruch 1 definierten DNA kodiert wird.
22. Polypeptid nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß es der TNF-Rezeptor der Formel  
met gly leu ser thr val pro asp leu leu leu pro  
leu val leu leu glu leu leu val gly ile tyr pro  
ser gly val ile gly leu val pro his leu gly asp  
arg glu lys arg asp ser val cys pro gln gly lys  
tyr ile his pro gln asn asn ser ile cys cys thr  
lys cys his lys gly thr tyr leu tyr asn asp cys  
pro gly pro gly gln asp thr asp cys arg glu cys  
glu ser gly ser phe thr ala ser glu asn his leu  
arg his cys leu ser cys ser lys cys arg lys glu  
met gly gln val glu ile ser ser cys thr val asp  
arg asp thr val cys gly cys arg lys asn gln tyr  
arg his tyr trp ser glu asn leu phe gln cys phe  
asn cys ser leu cys leu asn gly thr val his leu  
ser cys gln glu lys gln asn thr val cys thr cys  
his ala gly phe phe leu arg glu asn glu cys val  
ser cys ser asn cys lys lys ser leu glu cys thr

lys leu cys leu pro gln ile glu asn val lys gly  
 thr glu asp ser gly thr thr val leu leu pro leu  
 val ile phe phe gly leu cys leu leu ser leu leu  
 phe ile gly leu met tyr arg tyr gln arg trp lys  
 ser lys leu tyr ser ile val cys gly lys ser thr  
 pro glu lys glu gly glu leu glu gly thr thr thr  
 lys pro leu ala pro asn pro ser phe ser pro thr  
 pro gly phe thr pro thr leu gly phe ser pro val  
 pro ser ser thr phe thr ser ser ser thr tyr thr  
 pro gly asp cys pro asn phe ala ala pro arg arg  
 glu val ala pro pro tyr gln gly ala asp pro ile  
 leu ala thr ala leu ala ser asp pro ile pro asn  
 pro leu gln lys trp glu asp ser ala his lys pro  
 gln ser leu asp thr asp asp pro ala thr leu tyr  
 ala val val glu asn val pro pro leu arg trp lys  
 glu phe val arg arg leu gly leu ser asp his glu  
 ile asp arg leu glu leu gln asn gly arg cys leu  
 arg glu ala gln tyr ser met leu ala thr trp arg  
 arg arg thr pro arg arg glu ala thr leu glu leu  
 leu gly arg val leu arg asp met asp leu leu gly  
 cys leu glu asp ile glu glu ala leu cys gly pro  
 ala ala leu pro pro ala pro ser leu leu arg  
 oder ein Polypeptid bestehend aus mindestens einem  
 Fragment davon ist.

23. Polypeptid nach Anspruch 22, dadurch gekennzeichnet, daß es TNF bindendes Protein der Formel

asp ser val cys pro gln gly lys tyr ile his pro  
 gln asn asn ser ile cys cys thr lys cys his lys  
 gly thr tyr leu tyr asn asp cys pro gly pro gly  
 gln asp thr asp cys arg glu cys glu ser gly ser  
 phe thr ala ser glu asn his leu arg his cys leu  
 ser cys ser lys cys arg lys glu met gly gln val  
 glu ile ser ser cys thr val asp arg asp thr val  
 cys gly cys arg lys asn gln tyr arg his tyr trp

ser glu asn leu phe gln cys phe asn cys ser leu  
 cys leu asn gly thr val his leu ser cys gln glu  
 lys gln asn thr val cys thr cys his ala gly phe  
 phe leu arg glu asn glu cys val ser cys ser asn  
 cys lys lys ser leu glu cys thr lys leu cys leu  
 pro gln ile glu asn

oder ein funktionelles Fragment oder Derivat mit  
 der Fähigkeit, TNF zu binden, ist.

24. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids nach Anspruch 23, dadurch gekennzeichnet, daß ein in Anspruch 19 definierter Wirtsorganismus gezüchtet und das exprimierte Protein isoliert wird.
25. Verfahren zur Herstellung von rekombinantem TNF-Rezeptor oder Fragmenten oder Modifikationen davon, dadurch gekennzeichnet, daß ein in Anspruch 20 definierter Wirtsorganismus gezüchtet und das exprimierte Protein isoliert wird.
26. Verwendung eines in den Ansprüchen 21 und 22 definierten Polypeptids zum Untersuchen von Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit diesem Polypeptid und/oder mit TNF- $\alpha$  und/oder mit TNF- $\beta$  und/oder auf ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$ .
27. Verwendung eines in Anspruch 20 definierten Wirtsorganismus zum Untersuchen von Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit dem TNF-Rezeptor und/oder ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF- $\alpha$ /und/oder TNF- $\beta$ .
28. Verwendung eines Polypeptids nach Anspruch 23 zur prophylaktischen oder therapeutischen Behandlung des menschlichen Körpers bei Indikationen, bei

denen eine schädigende Wirkung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$  auftritt.

29. Verwendung eines Polypeptids nach Anspruch 23 als Diagnostikum zur Bestimmung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$ .
30. Pharmazeutische Zubereitung, dadurch gekennzeichnet, daß sie als therapeutisch wirksame Komponente ein in Anspruch 23 definiertes Polypeptid in einer Menge enthält, die die biologische Wirkung von TNF- $\alpha$  und/oder TNF- $\beta$  wirksam inhibiert.

# Zusammenfassung

DNA-Sequenzen, kodierend für ein TNF-bindendes Protein und für den TNF-Rezeptor, von dem dieses Protein die lösliche Domäne darstellt. Die DNA-Sequenzen können für die Herstellung rekombinanter DNA-Moleküle zur Herstellung von TNF-bindendem Protein und TNF-Rezeptor verwendet werden. Rekombinantes TNF-bindendes Protein kommt in pharmazeutischen Zubereitungen zur Behandlung von Indikationen, bei denen eine schädigende Wirkung von TNF auftritt, zur Anwendung. Mit Hilfe des TNF-Rezeptors bzw. Fragmenten davon oder mit Hilfe geeigneter Wirtsorganismen, transformiert mit rekombinanten DNA-Molekülen, enthaltend die für den TNF-Rezeptor kodierende DNA oder Fragmente oder Modifikationen davon, können Substanzen auf ihre Wechselwirkung mit dem TNF-Rezeptor und/oder auf ihre Beeinflussung der biologischen Wirkung von TNF untersucht werden.



Fig.1/1

GAATTCCTCTGGACTGAGGCTCCAGTTCTGGCCTTTGGGG

TTCAAGATCACTGGGACCAGGCCGTGATCTCTATGCCCCGAGTCTCAACCCTCAACTGTC

ACCCCAAGGCACTTGGGACGTCCTGGACAGACCGAGTCCCGGGAAGCCCCAGCACTGCC

\*\*\*

GCTGCCACACTGCCCTGAGCCCAAATGGGGGAGTGAGAGGCCA TAG CTG TCT GGC

S1				S5					S10					S15
Met Gly Leu Ser Thr Val Pro Asp Leu Leu Leu Pro Leu Val Leu														
ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG CTG CCA CTG GTG CTC														
216				225				234				243		252

				S20					S25				S29	1
Leu Glu Leu Leu Val Gly Ile Tyr Pro Ser Gly Val Ile Gly Leu														
CTG GAG CTG TTG GTG GGA ATA TAC CCC TCA GGG GTT ATT GGA CTG														
261				270				279				288		297

			5					10					15
Val Pro His Leu Gly Asp Arg Glu Lys Arg Asp Ser Val Cys Pro													
GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA GAT AGT GTG TGT CCC													
306			315				324				333		342

			20					25					30
Gln Gly Lys Tyr Ile His Pro Gln Asn Asn Ser Ile Cys Cys Thr													
CAA GGA AAA TAT ATC CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC													
351			360				369				378		387

			35					40					45
Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Tyr Asn Asp Cys Pro Gly Pro													
AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT GAC TGT CCA GGC CCG													
396			405				414				423		432

			50					55					60
Gly Gln Asp Thr Asp Cys Arg Glu Cys Glu Ser Gly Ser Phe Thr													
GGG CAG GAT ACG GAC TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC TCC TTC ACC													
441			450				459				468		477

			65					70					75
Ala Ser Glu Asn His Leu Arg His Cys Leu Ser Cys Ser Lys Cys													
GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC CTC AGC TGC TCC AAA TGC													
486			495				504				513		522

			80					85					90
Arg Lys Glu Met Gly Gln Val Glu Ile Ser Ser Cys Thr Val Asp													
CGA AAG GAA ATG GGT CAG GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC													
531			540				549				558		567

			95					100					105
Arg Asp Thr Val Cys Gly Cys Arg Lys Asn Gln Tyr Arg His Tyr													
CGG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC CAG TAC CGG CAT TAT													
576			585				594				603		612

			110					115					120
Trp Ser Glu Asn Leu Phe Gln Cys Phe Asn Cys Ser Leu Cys Leu													
TGG AGT GAA AAC CTT TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC CTC TGC CTC													
621			630				639				648		657

2/17  
Fig.1/2

Asn Gly	Thr	125	Val	His	Leu	Ser	Cys	130	Gln	Glu	Lys	Gln	Asn	Thr	135	Val
AAT GGG	ACC	GTG	CAC	CTC	TCC	TGC	CAG	GAG	AAA	CAG	AAC	ACC	GTG			
666		675			684			693				702				
Cys Thr	Cys	140	His	Ala	Gly	Phe	Phe	145	Leu	Arg	Glu	Asn	Glu	Cys	150	Val
TGC ACC	TGC	CAT	GCA	GGT	TTC	TTT	CTA	AGA	GAA	AAC	GAG	TGT	GTC			
711		720			729			738				747				
Ser Cys	Ser	155	Asn	Cys	Lys	Lys	Ser	160	Leu	Glu	Cys	Thr	Lys	Leu	165	Cys
TCC TGT	AGT	AAC	TGT	AAG	AAA	AGC	CTG	GAG	TGC	ACG	AAG	TTG	TGC			
756		765			774			783				792				
Leu Pro	Gln	170	Ile	Glu	Asn	Val	Lys	175	Gly	Thr	Glu	Asp	Ser	Gly	180	Thr
CTA CCC	CAG	ATT	GAG	AAT	GTT	AAG	GGC	ACT	GAG	GAC	TCA	GGC	ACC			
801		810			819			828				837				
Thr Val	Leu	185	Leu	Pro	Leu	Val	Ile	190	Phe	Phe	Gly	Leu	Cys	Leu	195	Leu
ACA GTG	CTG	TTG	CCC	CTG	GTC	ATT	TTC	TTT	GGT	CTT	TGC	CTT	TTA			
846		855			864			873				882				
Ser Leu	Leu	200	Phe	Ile	Gly	Leu	Met	205	Tyr	Arg	Tyr	Gln	Arg	Trp	210	Lys
TCC CTC	CTC	TTC	ATT	GGT	TTA	ATG	TAT	CGC	TAC	CAA	CGG	TGG	AAG			
891		900			909			918				927				
Ser Lys	Leu	215	Tyr	Ser	Ile	Val	Cys	220	Gly	Lys	Ser	Thr	Pro	Glu	225	Lys
TCC AAG	CTC	TAC	TCC	ATT	GTT	TGT	GGG	AAA	TCG	ACA	CCT	GAA	AAA			
936		945			954			963				972				
Glu Gly	Glu	230	Leu	Glu	Gly	Thr	Thr	235	Thr	Lys	Pro	Leu	Ala	Pro	240	Asn
GAG GGG	GAG	CTT	GAA	GGA	ACT	ACT	ACT	AAG	CCC	CTG	GCC	CCA	AAC			
981		990			999			1008				1017				
Pro Ser	Phe	245	Ser	Pro	Thr	Pro	Gly	250	Phe	Thr	Pro	Thr	Leu	Gly	255	Phe
CCA AGC	TTC	AGT	CCC	ACT	CCA	GGC	TTC	ACC	CCC	ACC	CTG	GGC	TTC			
1026		1035			1044			1053				1062				
Ser Pro	Val	260	Pro	Ser	Ser	Thr	Phe	265	Thr	Ser	Ser	Ser	Thr	Tyr	270	Thr
AGT CCC	GTG	CCC	AGT	TCC	ACC	TTC	ACC	TCC	AGC	TCC	ACC	TAT	ACC			
1071		1080			1089			1098				1107				
Pro Gly	Asp	275	Cys	Pro	Asn	Phe	Ala	280	Ala	Pro	Arg	Arg	Glu	Val	285	Ala
CCC GGT	GAC	TGT	CCC	AAC	TTT	GCG	GCT	CCC	CGC	AGA	GAG	GTG	GCA			
1116		1125			1134			1143				1152				

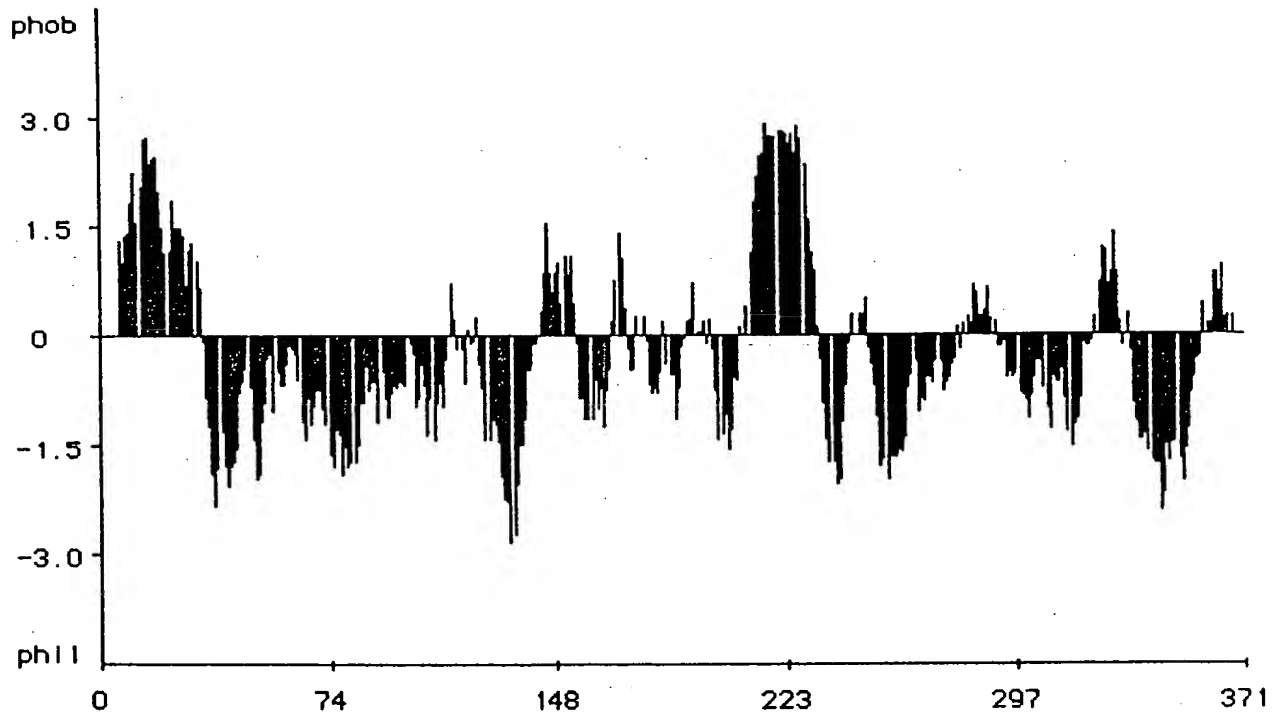
3/17

Fig.1/3

Pro	Pro	Tyr	290	Gln	Gly	Ala	Asp	Pro	295	Ile	Leu	Ala	Thr	Ala	Leu	Ala
CCA	CCC	TAT		CAG	GGG	GCT	GAC	CCC		ATC	CTT	GCG	ACA	GCC	CTC	GCC
1161				1170			1179			1188			1197			
Ser	Asp	Pro	305	Ile	Pro	Asn	Pro	Leu	310	Gln	Lys	Trp	Glu	Asp	Ser	Ala
TCC	GAC	CCC		ATC	CCC	AAC	CCC	CTT		CAG	AAG	TGG	GAG	GAC	AGC	GCC
1206				1215			1224			1233			1242			
His	Lys	Pro	320	Gln	Ser	Leu	Asp	Thr	325	Asp	Asp	Pro	Ala	Thr	Leu	Tyr
CAC	AAG	CCA		CAG	AGC	CTA	GAC	ACT		GAT	GAC	CCC	GCG	ACG	CTG	TAC
1251				1260			1269			1278			1287			
Ala	Val	Val	335	Glu	Asn	Val	Pro	Pro	340	Leu	Arg	Trp				
GCC	GTG	GTG		GAG	AAC	GTG	CCC	CCG		TTG	CGC	TGG	AA	<u>GGAATTC</u>		
1296				1305			1314			1323			1332			

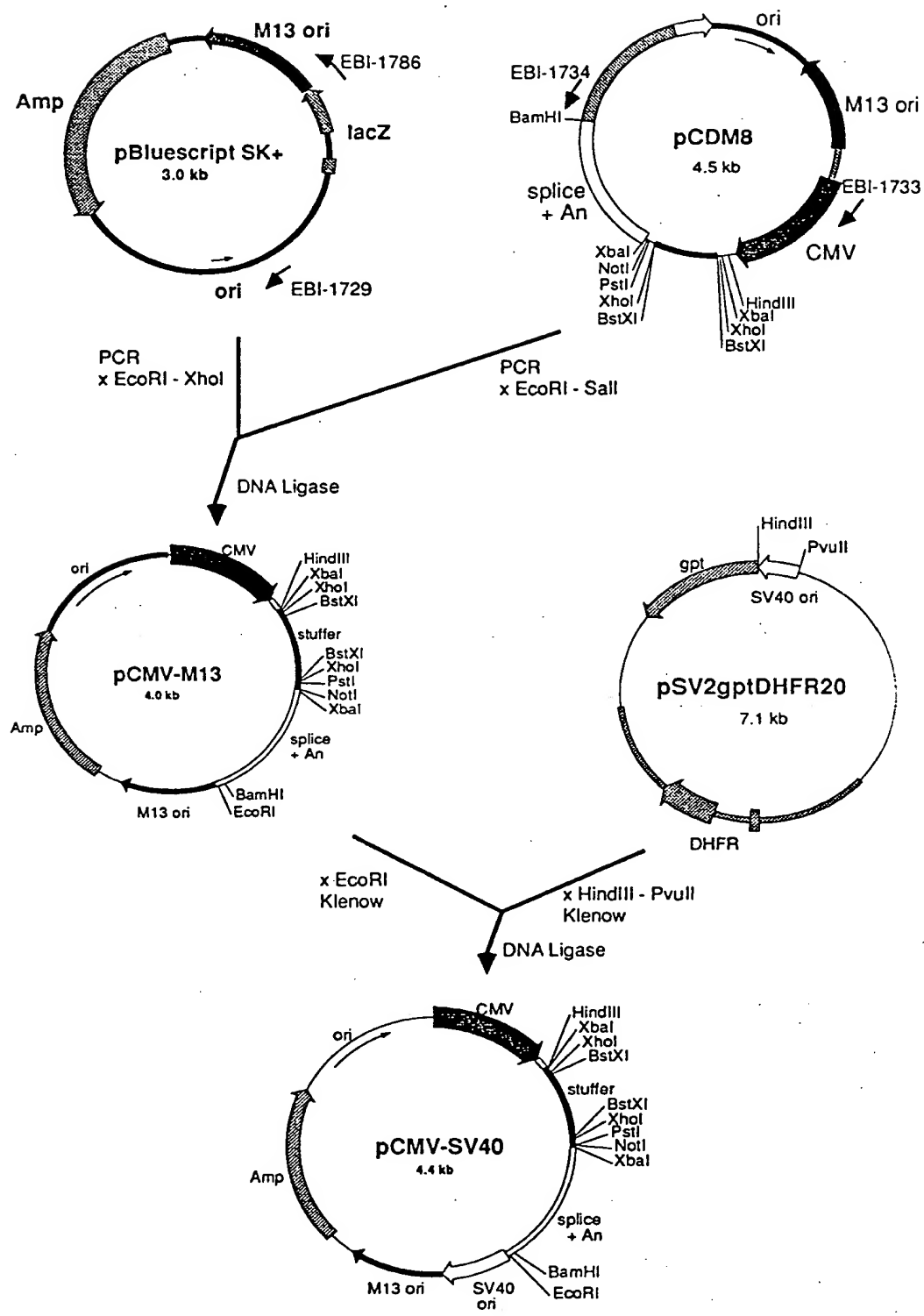
4/17 10:00-10:05

Fig.2



5/17

Fig.3



6/17

Fig.4

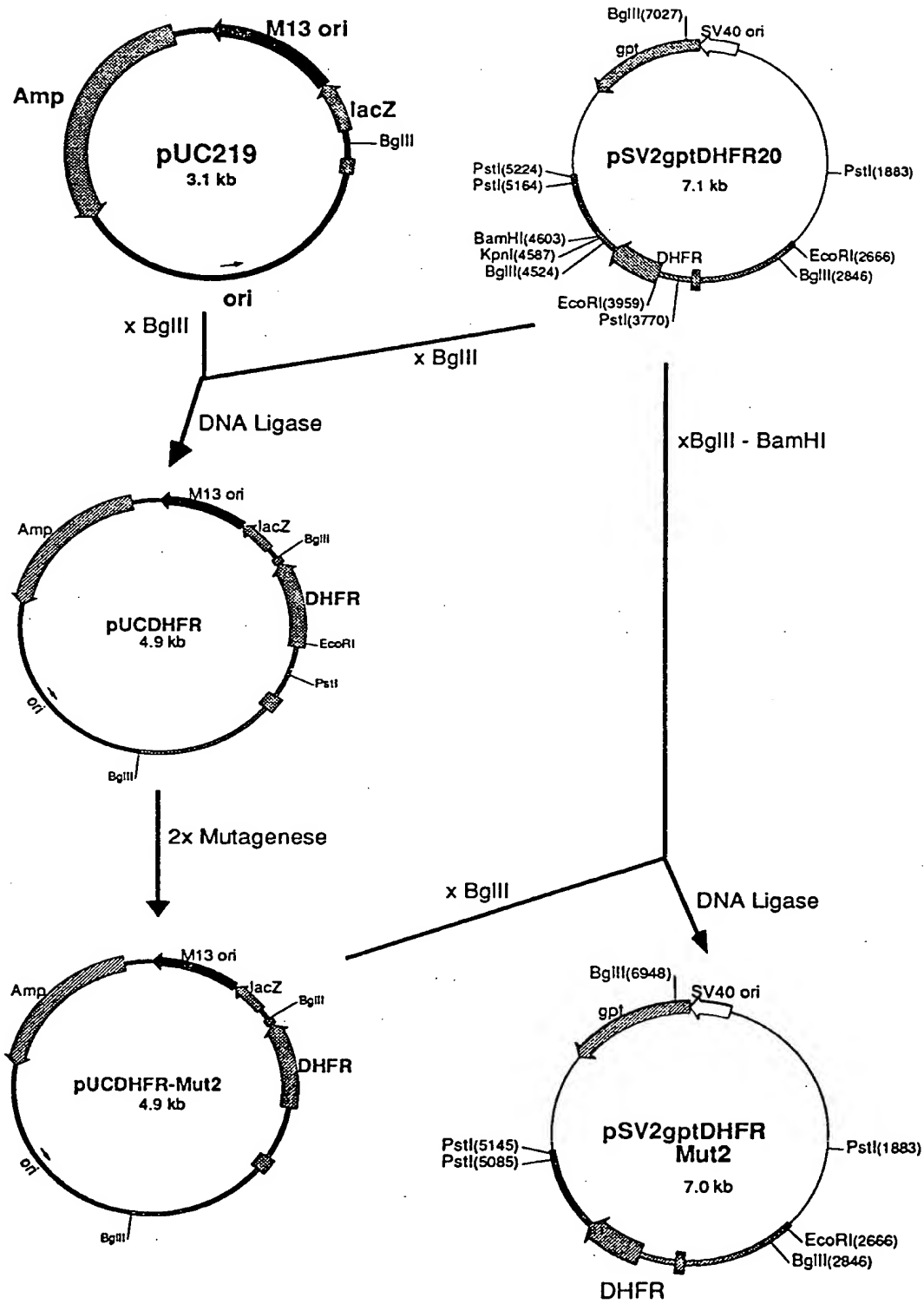
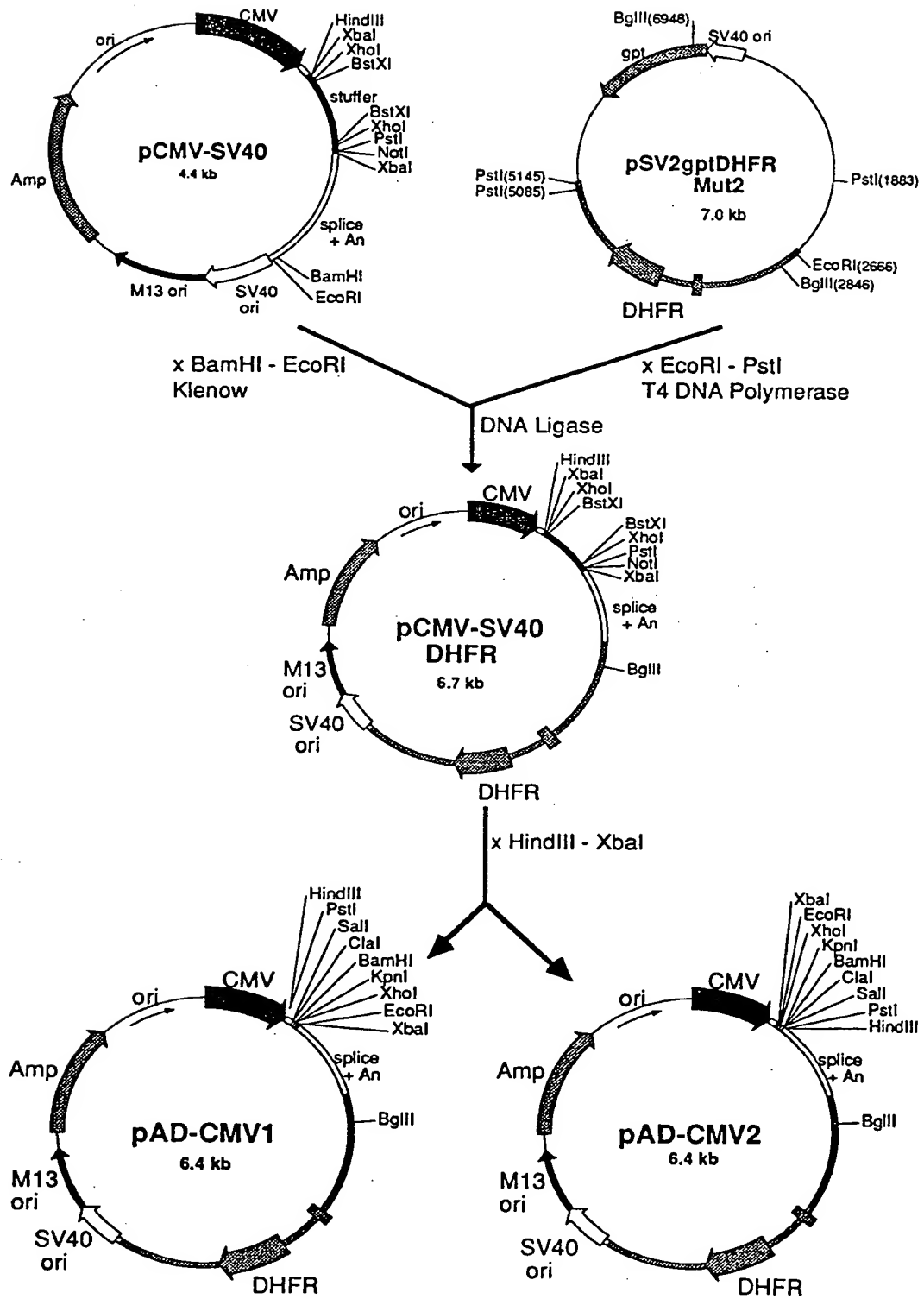


Fig.5



8/17

Fig.6/1

pAD-CMV1 : 6414 bp

TCGACATTGA	TTATTGACTA	GTTATTAATA	GTAATCAATT	ACGGGGTCAT	TAGTTCATAG	60
CCCATATATG	GAGTTCCGCG	TTACATAACT	TACGGTAAAT	GGCCCGCCTG	GCTGACCGCC	120
CAACGACCCC	CGCCCATTGA	CGTCAATAAT	GACGTATGTT	CCCATAGTAA	CGCCAATAGG	180
GACTTTCCAT	TGACGTCAAT	GGGTGGAGTA	TTTACGGTAA	ACTGCCCCACT	TGGCAGTACA	240
TCAAGTGTAT	CATATGCCAA	GTACGCCCCC	TATTGACGTC	AATGACGGTA	AATGGCCCCG	300
CTGGCATTAT	GCCCAGTACA	TGACCTTATG	GGACTTTCCT	ACTTGGCAGT	ACATCTACGT	360
ATTAGTCATC	GCTATTACCA	TGGTGATGCG	GTTTTGGCAG	TACATCAATG	GGCGTGGATA	420
GCGGTTTGAC	TCACGGGGAT	TTCCAAGTCT	CCACCCCAT	GACGTCAATG	GGAGTTTGTT	480
TTGGCACCAA	AATCAACGGG	ACTTTCCTAA	ATGTCGTAAC	AACTCCGCCC	CATTGACGCA	540
AATGGGCGGT	AGGCGTGTAC	GGTGGGAGGT	CTATATAAGC	AGAGCTCTCT	GGCTAACTAG	600
AGAACCCACT	GCTTAACTGG	CTTATCGAAA	TTAATACGAC	TCACTATAGG	GAGACCCAAG	660
CTTCTGCAGG	TCGACATCGA	TGGATCCGGT	ACCTCGAGCG	CGAATTCTCT	AGAGGATCTT	720
TGTGAAGGAA	CCTTACTTCT	GTGGTGTGAC	ATAATTGGAC	AAACTACCTA	CAGAGATTTA	780
AAGCTCTAAG	GTAAATATAA	AATTTTAAAG	TGTATAATGT	GTTAACTAC	TGATTCTAAT	840
TGTTTGTGTA	TTTGTAGATC	CAACCTATGG	AACTGATGAA	TGGGAGCAGT	GGTGGAAATG	900
CTTTAATGAG	GAAAACCTGT	TTTGCTCAGA	AGAAATGCCA	TCTAGTGATG	ATGAGGCTAC	960
TGCTGACTCT	CAACATTCTA	CTCCTCCAAA	AAAGAAGAGA	AAGGTAGAAG	ACCCCAAGGA	1020
CTTTCCTTCA	GAATTGCTAA	GTTTTTTGAG	TCATGCTGTG	TTTAGTAATA	GAACCTCTTG	1080
TTGCTTTGCT	ATTTACACCA	CAAAGGAAAA	AGCTGCACTG	CTATACAAGA	AAATTATGGA	1140
AAAATATTTG	ATGTATAGTG	CCTTGACTAG	AGATCATAAT	CAGCCATACC	ACATTTGTAG	1200
AGGTTTTACT	TGCTTTAAAA	AACCTCCAC	ACCTCCCCCT	GAACCTGAAA	CATAAAATGA	1260
ATGCAATTGT	TGTTGTTAAC	TTGTTTATTG	CAGCTTATAA	TGGTTACAAA	TAAAGCAATA	1320
GCATCACAAA	TTTCACAAAT	AAAGCATTTT	TTTCACTGCA	TTCTAGTTGT	GGTTTGTCCA	1380
AACTCATCAA	TGTATCTTAT	CATGTCTGGA	TCAATTCTGA	GAAACTAGCC	TTAAAGACAG	1440
ACAGCTTTGT	TCTAGTCAGC	CAGGCAAGCA	TATGTAAATA	AAGTTCCTCA	GGAAGCTGAG	1500
GTTAAAAGAT	GTATCCTGGA	CCTGCCAGAC	CTGGCCATTC	ACGTAAACAG	AAGATTCCGC	1560
CTCAAGTTCC	GGTTAACAAC	AGGAGGCAAC	GAGATCTCAA	ATCTATTACT	TCTAATCGGG	1620
TAATTAAAAC	CTTTCAACTA	AAACACGGAC	CCACGGATGT	CACCCACTTT	TCCTTCCCCG	1680
GCTCCGCCCT	TCTCAGTACT	CCCCACCATT	AGGCTCGCTA	CTCCACCTCC	ACTTCCGGGC	1740



9/17  
Fig.6/2

GCGACACCCA	CGTGCCCTCT	CCCACCCGAC	GCTAACCCCG	CCCCTGCCCG	TCTGACCCCG	1800
CCCACCACCT	GGCCCCGCCC	CGTTGAGGAC	AGAAGAAACC	CCGGGCAGCC	GCAGCCAAGG	1860
CGGACGGGTA	GACGCTGGGG	GCGCTGAGGA	GTCGTCCTCT	ACCTTCTCTG	CTGGCTCGGT	1920
GGGGGACGCG	GTGGATCTCA	GGCTTCCGGA	AGACTGGAAG	AACCGGCTCA	GAACCGCTTG	1980
TCTCCGCGGG	GCTTGGGCGG	CGGAAGAATG	GCCGCTAGAC	GCGGACTTGG	TGCGAGGCAT	2040
CGCAGGATGC	AGAAGAGCAA	GCCCGCCGGG	AGCGCGCGGC	TGTACTACCC	CGCGCCTGGA	2100
GCGGCCACGC	CGGACTGGGC	GGGGCCGGCC	TGGTGGAGGC	GGAGTCTGAC	CTCGTGGAGG	2160
CGGGGCCTCT	GATGTTCAAA	TAGGATGCTA	GGCTTGTTGA	GGCGTGGCCT	CCGATTACACA	2220
AGTGGGAAGC	AGCGCCGGGC	GACTGCAATT	TCGCGCCAAA	CTTGGGGGAA	GCACAGCGTA	2280
CAGGCTGCCT	AGGTGATCGC	TGCTGCTGTC	ATGGTTCGAC	CGCTGAACTG	CATCGTCGCC	2340
GTGTCCCAGA	ATATGGGCAT	CGGCAAGAAC	GGAGACCTTC	CCTGGCCAAT	GCTCAGGTAC	2400
TGGCTGGATT	GGGTTAGGGA	AACCGAGGCG	GTTCGCTGAA	TCGGGTCGAG	CACTTGCGCG	2460
AGACGCGCGG	GCCAACTACT	TAGGGACAGT	CATGAGGGGT	AGGCCCGCCG	GCTGCTGCCC	2520
TTGCCCATGC	CCGCGGTGAT	CCCCATGCTG	TGCCAGCCTT	TGCCCAGAGG	CGCTCTAGCT	2580
GGGAGCAAAG	TCCGGTCACT	GGGCAGCACC	ACCCCCCGGA	CTTGCAATGGG	TAGCCGCTGA	2640
GATGGAGCCT	GAGCACACGT	GACAGGGTCC	CTGTTAACGC	AGTGTTCCTC	TAACTTTCAG	2700
GAACGAGTTC	AAGTACTTCC	AAAGAATGAC	CACCACCTCC	TCAGTGGAAG	GTAAACAGAA	2760
CCTGGTGATT	ATGGGCCGGA	AAACCTGGTT	CTCCATTCCT	GAGAAGAATC	GACCTTTAAA	2820
GGACAGAATT	AATATAGTTC	TCAGTAGAGA	GCTCAAGGAA	CCACCACAAG	GAGCTCATTT	2880
TCTTGCCAAA	AGTCTGGACC	ATGCCTTAAA	ACTTATTGAA	CAACCAGAGT	TAGCAGATAA	2940
AGTGGACATG	GTTTGGATAG	TTGGAGGCAG	TTCCGTTTAC	AAGGAAGCCA	TGAATCAGCC	3000
AGGCCATCTC	AGACTCTTTG	TGACAAGGAT	CATGCAGGAA	TTTGAAAGTG	ACACGTTCTT	3060
CCCAGAAATT	GATTTGGAGA	AATATAAACT	TCTCCAGAG	TACCCAGGGG	TCCTTTCTGA	3120
AGTCCAGGAG	GAAAAAGGCA	TCAAGTATAA	ATTTGAAGTC	TATGAGAAGA	AAGGCTAACA	3180
GAAAGATACT	TGCTGATTGA	CTTCAAGTTC	TACTGCTTTC	CTCCTAAAAT	TATGCATTTT	3240
TACAAGACCA	TGGGACTTGT	GTTGGCTTTA	GATCCTGTGC	ATCCTGGGCA	ACTGTTGTAC	3300
TCTAAGCCAC	TCCCCAAAGT	CATGCCCCAG	CCCCTGTATA	ATTCTAAACA	ATTAGAATTA	3360
TTTTCATTTT	CATTAGTCTA	ACCAGGTTAT	ATTAAATATA	CTTTAAGAAA	CACCATTTGC	3420
CATAAAGTTC	TCAATGCCCC	TCCCATGCAG	CCTCAAGTGG	CTCCCCAGCA	GATGCATAGG	3480
GTAGTGTGTG	TACAAGAGAC	CCCAAAGACA	TAGAGCCCCT	GAGAGCATGA	GCTGATATGG	3540

10/17  
Fig.6/3

GGGCTCATAG	AGATAGGAGC	TAGATGAATA	AGTACAAAGG	GCAGAAATGG	GTTTTAACCA	3600
GCAGAGCTAG	AACTCAGACT	TTAAAGAAAA	TTAGATCAAA	GTAGAGACTG	AATTATTCTG	3660
CACATCAGAC	TCTGAGCAGA	GTTCTGTTCA	CTCAGACAGA	AAATGGGTAA	ATTGAGAGCT	3720
GGCTCCATTG	TGCTCCTTAG	AGATGGGAGC	AGGTGGAGGA	TTATATAAGG	TCTGGAACAT	3780
TTAACTTCTC	CGTTTCTCAT	CTTCAGTGAG	ATTCCAAGGG	ATACTACAAT	TCTGTGGAAT	3840
GTGTGTCAGT	TAGGGTGTGG	AAAGTCCCCA	GGCTCCCCAG	CAGGCAGAAG	TATGCAAAGC	3900
ATGCATCTCA	ATTAGTCAGC	AACCAGGTGT	GGAAAGTCCC	CAGGCTCCCC	AGCAGGCAGA	3960
AGTATGCAAA	GCATGCATCT	CAATTAGTCA	GCAACCATAG	TCCCGCCCCCT	AACTCCGCCC	4020
ATCCCGCCCC	TAACTCCGCC	CAGTTCCGCC	CATTCTCCGC	CCCATGGCTG	ACTAATTTTT	4080
TTTATTTATG	CAGAGGCCGA	GGCGCCTCTG	AGCTATTCCA	GAAGTAGTGA	GGAGGCTTTT	4140
TTGGAGGCCT	AGGCTTTTGC	AAAAAAGCTA	ATTGAGCCTG	AATGGCGAAT	GGGACGCGCC	4200
CTGTAGCGGC	GCATTAAGCG	CGGCGGGTGT	GGTGGTTACG	CGCAGCGTGA	CCGCTACACT	4260
TGCCAGCGCC	CTAGCGCCCC	CTCCTTTCGC	TTTCTTCCCT	TCCTTTCTCG	CCACGTTTCG	4320
CGGCTTTCCC	CGTCAAGCTC	TAAATCGGGG	GCTCCCTTTA	GGGTTCGGAT	TTAGTGCTTT	4380
ACGGCACCTC	GACCCCAAAA	ACTTGATTAG	GGTGATGGTT	CACGTAGTGG	GCCATCGCCC	4440
TGATAGACGG	TTTTTCGCCC	TTTGACGTTG	GAGTCCACGT	TCTTTAATAG	TGGA CTCTTG	4500
TTCCAAACTG	GAACAACACT	CAACCCTATC	TCGGTCTATT	CTTTTGATTT	ATAAGGGATT	4560
TTGCCGATTT	CGGCCTATTG	GTTAAAAAAT	GAGCTGATTT	AACAAAAATT	TAACGCGAAT	4620
TTTAACAAAA	TATTAACGTT	TACAATTTCA	GGTGGCACTT	TTCGGGGAAA	TGTGCGCGGA	4680
ACCCCTATTT	GTTTATTTTT	CTAAATACAT	TCAAATATGT	ATCCGCTCAT	GAGACAATAA	4740
CCCTGATAAA	TGCTTCAATA	ATATTGAAAA	AGGAAGAGTA	TGAGTATTCA	ACATTTCCGT	4800
GTCGCCCTTA	TTCCCTTTTT	TGCGGCATTT	TGCCTTCCTG	TTTTTGCTCA	CCCAGAAACG	4860
CTGGTGAAAG	TAAAAGATGC	TGAAGATCAG	TTGGGTGCAC	GAGTGGGTTA	CATCGAACTG	4920
GATCTCAACA	GCGGTAAGAT	CCTTGAGAGT	TTTCGCCCCG	AAGAACGTTT	TCCAATGATG	4980
AGCACTTTTA	AAGTTCTGCT	ATGTGGCGCG	GTATTATCCC	GTATTGACGC	CGGGCAAGAG	5040
CAACTCGGTC	GCCGCATACA	CTATTCTCAG	AATGACTTGG	TTGAGTACTC	ACCAGTCACA	5100
GAAAAGCATC	TTACGGATGG	CATGACAGTA	AGAGAATTAT	GCAGTGCTGC	CATAACCATG	5160
AGTGATAACA	CTGCGGCCAA	CTTACTTCTG	ACAACGATCG	GAGGACCGAA	GGAGCTAACC	5220
GCTTTTTTGC	ACAACATGGG	GGATCATGTA	ACTCGCCTTG	ATCGTTGGGA	ACCGGAGCTG	5280
AATGAAGCCA	TACCAAACGA	CGAGCGTGAC	ACCACGATGC	CTGTAGCAAT	GGCAACAACG	5340

11/17

Fig.6/4

TTGCGCAAAC	TATTAAGTGG	CGAACTACTT	ACTCTAGCTT	CCCGGCAACA	ATTAATAGAC	5400
TGGATGGAGG	CGGATAAAGT	TGCAGGACCA	CTTCTGCGCT	CGGCCCTTCC	GGCTGGCTGG	5460
TTTATTGCTG	ATAAATCTGG	AGCCGGTGAG	CGTGGGTCTC	GCGGTATCAT	TGCAGCACTG	5520
GGGCCAGATG	GTAAGCCCTC	CCGTATCGTA	GTTATCTACA	CGACGGGGAG	TCAGGCAACT	5580
ATGGATGAAC	GAAATAGACA	GATCGCTGAG	ATAGGTGCCT	CACTGATTAA	GCATTGGTAA	5640
CTGTCAGACC	AAGTTTACTC	ATATATACTT	TAGATTGATT	TAAAACTTCA	TTTTTAATTT	5700
AAAAGGATCT	AGGTGAAGAT	CCTTTTTGAT	AATCTCATGA	CCAAAATCCC	TTAACGTGAG	5760
TTTTTCGTTCC	ACTGAGCGTC	AGACCCCGTA	GAAAAGATCA	AAGGATCTTC	TTGAGATCCT	5820
TTTTTTCTGC	GCGTAATCTG	CTGCTTGCAA	ACAAAAAAAC	CACCGCTACC	AGCGGTGGTT	5880
TGTTTGCCGG	ATCAAGAGCT	ACCAACTCTT	TTCCGAAGG	TAAGTGGCTT	CAGCAGAGCG	5940
CAGATACCAA	ATACTGTCCT	TCTAGTGTAG	CCGTAGTTAG	GCCACCACTT	CAAGAACTCT	6000
GTAGCACC GC	CTACATACCT	CGCTCTGCTA	ATCCTGTTAC	CAGTGGCTGC	TGCCAGTGGC	6060
GATAAGTCGT	GTCTTACCGG	GTTGGACTCA	AGACGATAGT	TACCGGATAA	GGCGCAGCGG	6120
TCGGGCTGAA	CGGGGGGTTC	GTGCACACAG	CCCAGCTTGG	AGCGAACGAC	CTACACCGAA	6180
CTGAGATACC	TACAGCGTGA	GCATTGAGAA	AGCGCCACGC	TTCCCGAAGG	GAGAAAGGCG	6240
GACAGGTATC	CGGTAAGCGG	CAGGGTCGGA	ACAGGAGAGC	GCACGAGGGA	GCTTCCAGGG	6300
GGAAACGCCT	GGTATCTTTA	TAGTCCTGTC	GGGTTTCGCC	ACCTCTGACT	TGAGCGTCGA	6360
TTTTTGTGAT	GCTCGTCAGG	GGGGCGGAGC	CTATGGAAAA	ACGCCAGCAA	CGCC	

12/17

Fig.7A

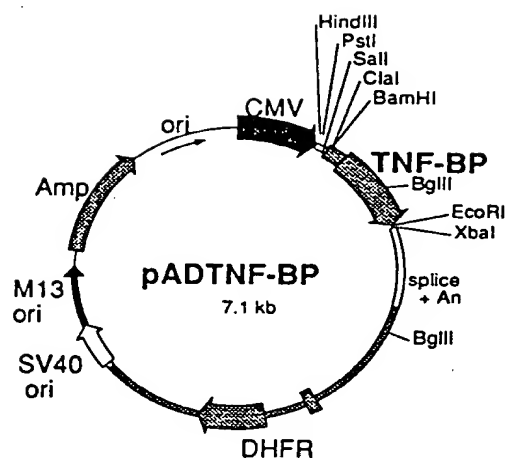


Fig.7B

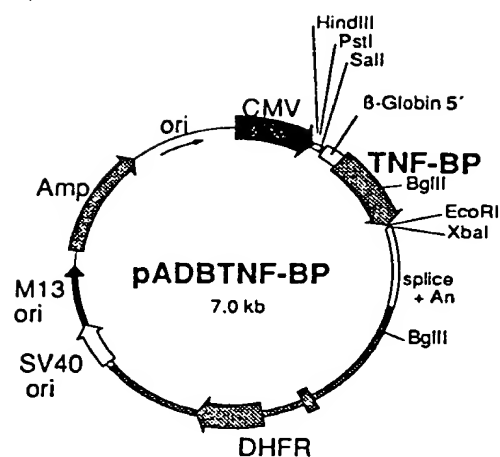


Fig.7C

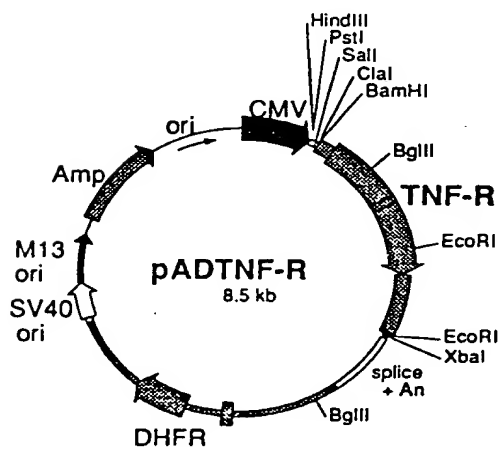
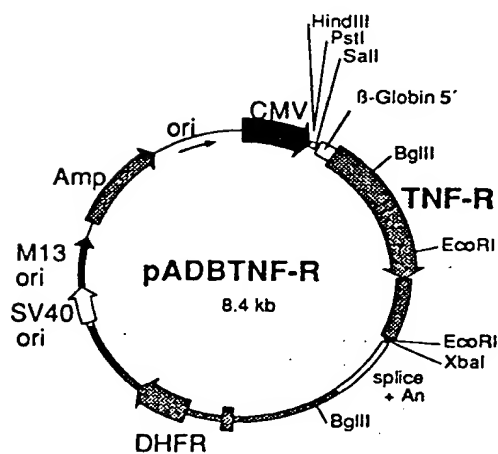


Fig.7D



13/17  
Fig.8/1

raTNF-R

GAATTCCTTT	TCTCCGAGTT	TTCTGAACTC	TGGCTCATGA	TCGGGCTTAC	TGGATACGAG	60
AATCCTGGAG	GACCGTACCC	TGATTTCCAT	CTACCTCTGA	CTTTGAGCCT	TTCTAACCCG	120
GGGCTCACGC	TGCCAACACC	CGGGCCACCT	GGTCCGATCG	TCTTACTTCA	TTCACCAGCG	180
TTGCCAATTG	CTGCCCTGTC	CCCAGCCCCA	ATGGGGGAGT	GAGAGAGGCC	ACTGCCGGCC	240
GGAC						
245/1			275/11			
ATG GGT CTC CCC ATC GTG CCT GGC CTG CTG CTG TCA CTG GTG CTC CTG GCT CTG CTG ATG						
Met Gly Leu Pro Ile Val Pro Gly Leu Leu Leu Ser Leu Val Leu Leu Ala Leu Leu Met						
305/21			335/31			
GGG ATA CAC CCA TCA GGG GTC ACC GGA CTG GTT CCT TCT CTT GGT GAC CGG GAG AAG AGG						
Gly Ile His Pro Ser Gly Val Thr Gly Leu Val Pro Ser Leu Gly Asp Arg Glu Lys Arg						
365/41			395/51			
GAT AAT TTG TGT CCC CAG GGA AAG TAT GCC CAT CCA AAG AAT AAT TCC ATC TGC TGC ACC						
Asp Asn Leu Cys Pro Gln Gly Lys Tyr Ala His Pro Lys Asn Asn Ser Ile Cys Cys Thr						
425/61			455/71			
AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG GTG AGT GAC TGT CCA AGC CCA GGG CAG GAA ACA GTC						
Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Val Ser Asp Cys Pro Ser Pro Gly Gln Glu Thr Val						
485/81			515/91			
TGC GAG CTC TCT CAT AAA GGC ACC TTT ACA GCT TCG CAG AAC CAC GTC AGA CAG TGT CTC						
Cys Glu Leu Ser His Lys Gly Thr Phe Thr Ala Ser Gln Asn His Val Arg Gln Cys Leu						
545/101			575/111			
AGT TGC AAG ACA TGT CGG AAA GAA ATG TTC CAG GTG GAG ATT TCT CCT TGC AAA GCT GAC						
Ser Cys Lys Thr Cys Arg Lys Glu Met Phe Gln Val Glu Ile Ser Pro Cys Lys Ala Asp						
605/121			635/131			
ATG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AAG AAG AAC CAA TTC CAG CGC TAC CTG AGT GAG ACG CAT						
Met Asp Thr Val Cys Gly Cys Lys Lys Asn Gln Phe Gln Arg Tyr Leu Ser Glu Thr His						
665/141			695/151			
TTC CAG TGT GTG GAC TGC AGC CCC TGC TTC AAT GGC ACC GTG ACA ATC CCC TGT AAG GAG						
Phe Gln Cys Val Asp Cys Ser Pro Cys Phe Asn Gly Thr Val Thr Ile Pro Cys Lys Glu						
725/161			755/171			
AAA CAG AAC ACC GTG TGT AAC TGC CAC GCA GGA TTC TTT CTA AGC GGA AAT GAG TGC ACC						
Lys Gln Asn Thr Val Cys Asn Cys His Ala Gly Phe Phe Leu Ser Gly Asn Glu Cys Thr						
785/181			815/191			
CCT TGC AGC CAC TGC AAG AAA AAT CAG GAA TGT ATG AAG CTG TGC CTA CCT CCA GTT GCA						
Pro Cys Ser His Cys Lys Lys Asn Gln Glu Cys Met Lys Leu Cys Leu Pro Pro Val Ala						
845/201			875/211			
AAT GTC ACA AAC CCC CAG GAC TCA GGT ACT GCC GTG CTG TTG CCT CTG GTT ATC TTC CTA						
Asn Val Thr Asn Pro Gln Asp Ser Gly Thr Ala Val Leu Leu Pro Leu Val Ile Phe Leu						
905/221			935/231			
GGT CTT TGC CTT TTA TTC TTT ATC TGC ATC AGT CTA CTG TGC CGA TAT CCC CAG TGG AGG						
Gly Leu Cys Leu Leu Phe Phe Ile Cys Ile Ser Leu Leu Cys Arg Tyr Pro Gln Trp Arg						
965/241			995/251			
CCC AGG GTC TAC TCC ATC ATT TGT AGG GAT TCA GCT CCT GTC AAA GAG GTG GAG GGT GAA						
Pro Arg Val Tyr Ser Ile Ile Cys Arg Asp Ser Ala Pro Val Lys Glu Val Glu Gly Glu						
1025/261			1055/271			
GGA ATT GTT ACT AAG CCC CTA ACT CCA GCC TCT ATC CCA GCC TTC AGC CCC AAC CCC GGC						
Gly Ile Val Thr Lys Pro Leu Thr Pro Ala Ser Ile Pro Ala Phe Ser Pro Asn Pro Gly						
1085/281			1115/291			
TTC AAC CCC ACT CTG GGC TTC AGC ACC ACC CCA CGC TTC AGT CAT CCT GTC TCC AGT ACC						
Phe Asn Pro Thr Leu Gly Phe Ser Thr Thr Pro Arg Phe Ser His Pro Val Ser Ser Thr						
1145/301			1175/311			
CCC ATC AGC CCC GTC TTC GGT CCT AGT AAC TGG CAC AAC TTC GTG CCA CCT GTA AGA GAG						
Pro Ile Ser Pro Val Phe Gly Pro Ser Asn Trp His Asn Phe Val Pro Pro Val Arg Glu						
1205/321			1235/331			
GTG GTC CCA ACC CAG GGT GCT GAC CCT CTC CTC TAC GGA TCC CTC AAC CCT GTG CCA ATC						
Val Val Pro Thr Gln Gly Ala Asp Pro Leu Leu Tyr Gly Ser Leu Asn Pro Val Pro Ile						
1265/341			1295/351			
CCC GCC CCT GTT CGG AAA TGG GAA GAC GTC GTC GCG GCC CAG CCA CAA CGG CTT GAC ACT						

14/17  
Fig.8/2

Pro Ala Pro Val Arg Lys Trp Glu Asp Val Val Ala Ala Gln Pro Gln Arg Leu Asp Thr  
 1325/361 1355/371  
 GCA GAC CCT GCG ATG CTG TAT GCT GTG GTG GAT GGC GTG CCT CCG ACA CGC TGG AAG GAG  
 Ala Asp Pro Ala Met Leu Tyr Ala Val Val Asp Gly Val Pro Pro Thr Arg Trp Lys Glu  
 1385/381 1415/391  
 TTC ATG CGG CTC CTG GGG CTG AGC GAG CAC GAG ATC GAG CGG CTG GAG CTG CAG AAC GGG  
 Phe Met Arg Leu Leu Gly Leu Ser Glu His Glu Ile Glu Arg Leu Glu Leu Gln Asn Gly  
 1445/401 1475/411  
 CGT TGC CTC CGC GAG GCT CAT TAC AGC ATG CTG GAA GCC TGG CGG CGC CGC ACA CCG CGA  
 Arg Cys Leu Arg Glu Ala His Tyr Ser Met Leu Glu Ala Trp Arg Arg Arg Thr Pro Arg  
 1505/421 1535/431  
 CAC GAG GCC ACG CTG GAC GTA GTG GGC CGC GTG CTT TGC GAC ATG AAC CTG CGT GGC TGC  
 His Glu Ala Thr Leu Asp Val Val Gly Arg Val Leu Cys Asp Met Asn Leu Arg Gly Cys  
 1565/441 1595/451  
 CTG GAG AAC ATC CGC GAG ACT CTA GAA AGC CCT GCC CAC TCG TCC ACG ACC CAC CTC CCG  
 Leu Glu Asn Ile Arg Glu Thr Leu Glu Ser Pro Ala His Ser Ser Thr Thr His Leu Pro  
 1625/461  
 CGA TAA  
 Arg Stop  
 GGCCACACCC CCACCTCAGG AACGGGACTC GAAGGACCAT CCTGCTAGAT 1680  
 GCCCTGCTTC CCTGTGAACC TCCTCTTTGG TCCTCTAGGG GGCAGGCTCG ATCTGGCAGG 1740  
 CTCGATCTGG CAGCCACTTC CTTGGTGCTA CCGACTTGGT GTACATAGCT TTTCCCAGCT 1800  
 GCCGAGGACA GCCTGTGCCA GCCACTTGTG CATGGCAGGG AAGTGTGCCA TCTGCTCCCA 1860  
 GACAGCTGAG GGTGCCAAAA GCCAGGAGAG GTGATTGTGG AGAAAAAGCA CAATCTATCT 1920  
 GATACCCACT TGGGATGCAA GGACCCAAAC AAAGCTTCTC AGGGCCTCCT CAGTTGATTT 1980  
 CTGGGGCCCTT TTCACAGTAG ATAAAAACAGT CTTTGTATTG ATTATATCAC ACTAATGGAT 2040  
 GAACGGTTGA ACTCCCTAAG GTAGGGGCAA GCACAGAACA GTGGGGTCTC CAGCTGGAGC 2100  
 CCCCAGACTCT TGTAATACA CTAAAAATCT AAAAGTGAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 2160  
 AAAAAAGGAA TTC

Fig.9/1

huTNF-R

GAATTCTCTG GACTGAGGCT CCAGTTCTGG CCTTTGGGGT TCAAGATCAC TGGGACCAGG 60  
CCGTGATCTC TATGCCCGAG TCTCAACCCT CAACTGTCAC CCCAAGGCAC TTGGGACGTC 120  
CTGGACAGAC CGAGTCCCGG GAAGCCCCAG CACTGCCGCT GCCACACTGC CCTGAGCCCA 180  
AATGGGGGAG TGAGAGGCCA TAGCTGTCTG GC

213/1	243/11
ATG GGC CTC TCC ACC GTG CCT GAC CTG CTG	CTG CCA CTG GTG CTC CTG GAG CTG TTG GTG
Met Gly Leu Ser Thr Val Pro Asp Leu Leu	Leu Pro Leu Val Leu Leu Glu Leu Leu Val
273/21	303/31
GGA ATA TAC CCC TCA GGG GTT ATT GGA CTG	GTC CCT CAC CTA GGG GAC AGG GAG AAG AGA
Gly Ile Tyr Pro Ser Gly Val Ile Gly Leu	Val Pro His Leu Gly Asp Arg Glu Lys Arg
333/41	363/51
GAT AGT GTG TGT CCC CAA GGA AAA TAT ATC	CAC CCT CAA AAT AAT TCG ATT TGC TGT ACC
Asp Ser Val Cys Pro Gln Gly Lys Tyr Ile	His Pro Gln Asn Asn Ser Ile Cys Cys Thr
393/61	423/71
AAG TGC CAC AAA GGA ACC TAC TTG TAC AAT	GAC TGT CCA GGC CCG GGG CAG GAT ACG GAC
Lys Cys His Lys Gly Thr Tyr Leu Tyr Asn	Asp Cys Pro Gly Pro Gly Gln Asp Thr Asp
453/81	483/91
TGC AGG GAG TGT GAG AGC GGC TCC TTC ACC	GCT TCA GAA AAC CAC CTC AGA CAC TGC CTC
Cys Arg Glu Cys Glu Ser Gly Ser Phe Thr	Ala Ser Glu Asn His Leu Arg His Cys Leu
513/101	543/111
AGC TGC TCC AAA TGC CGA AAG GAA ATG GGT	CAG GTG GAG ATC TCT TCT TGC ACA GTG GAC
Ser Cys Ser Lys Cys Arg Lys Glu Met Gly	Gln Val Glu Ile Ser Ser Cys Thr Val Asp
573/121	603/131
CGG GAC ACC GTG TGT GGC TGC AGG AAG AAC	CAG TAC CGG CAT TAT TGG AGT GAA AAC CTT
Arg Asp Thr Val Cys Gly Cys Arg Lys Asn	Gln Tyr Arg His Tyr Trp Ser Glu Asn Leu
633/141	663/151
TTC CAG TGC TTC AAT TGC AGC CTC TGC CTC	AAT GGG ACC GTG CAC CTC TCC TGC CAG GAG
Phe Gln Cys Phe Asn Cys Ser Leu Cys Leu	Asn Gly Thr Val His Leu Ser Cys Gln Glu
693/161	723/171
AAA CAG AAC ACC GTG TGC ACC TGC CAT GCA	GGT TTC TTT CTA AGA GAA AAC GAG TGT GTC
Lys Gln Asn Thr Val Cys Thr Cys His Ala	Gly Phe Phe Leu Arg Glu Asn Glu Cys Val
753/181	783/191
TCC TGT AGT AAC TGT AAG AAA AGC CTG GAG	TGC ACG AAG TTG TGC CTA CCC CAG ATT GAG
Ser Cys Ser Asn Cys Lys Lys Ser Leu Glu	Cys Thr Lys Leu Cys Leu Pro Gln Ile Glu
813/201	843/211
AAT GTT AAG GGC ACT GAG GAC TCA GGC ACC	ACA GTG CTG TTG CCC CTG GTC ATT TTC TTT
Asn Val Lys Gly Thr Glu Asp Ser Gly Thr	Thr Val Leu Leu Pro Leu Val Ile Phe Phe
873/221	903/231
GGT CTT TGC CTT TTA TCC CTC CTC TTC ATT	GGT TTA ATG TAT CGC TAC CAA CGG TGG AAG
Gly Leu Cys Leu Leu Ser Leu Leu Phe Ile	Gly Leu Met Tyr Arg Tyr Gln Arg Trp Lys
933/241	963/251
TCC AAG CTC TAC TCC ATT GTT TGT GGG AAA	TCG ACA CCT GAA AAA GAG GGG GAG CTT GAA
Ser Lys Leu Tyr Ser Ile Val Cys Gly Lys	Ser Thr Pro Glu Lys Glu Gly Glu Leu Glu
993/261	1023/271
GGA ACT ACT ACT AAG CCC CTG GCC CCA AAC	CCA AGC TTC AGT CCC ACT CCA GGC TTC ACC
Gly Thr Thr Thr Lys Pro Leu Ala Pro Asn	Pro Ser Phe Ser Pro Thr Pro Gly Phe Thr
1053/281	1083/291
CCC ACC CTG GGC TTC AGT CCC GTG CCC AGT	TCC ACC TTC ACC TCC AGC TCC ACC TAT ACC
Pro Thr Leu Gly Phe Ser Pro Val Pro Ser	Ser Thr Phe Thr Ser Ser Ser Thr Tyr Thr
1113/301	1143/311
CCC GGT GAC TGT CCC AAC TTT GCG GCT CCC	CGC AGA GAG GTG GCA CCA CCC TAT CAG GGG
Pro Gly Asp Cys Pro Asn Phe Ala Ala Pro	Arg Arg Glu Val Ala Pro Pro Tyr Gln Gly
1173/321	1203/331
GCT GAC CCC ATC CTT GCG ACA GCC CTC GCC	TCC GAC CCC ATC CCC AAC CCC CTT CAG AAG
Ala Asp Pro Ile Leu Ala Thr Ala Leu Ala	Ser Asp Pro Ile Pro Asn Pro Leu Gln Lys

Fig.9/2

1233/341  
TGG GAG GAC AGC GCC CAC AAG CCA CAG AGC  
Trp Glu Asp Ser Ala His Lys Pro Gln Ser  
1293/361  
GCC GTG GTG GAG AAC GTG CCC CCG TTG CGC  
Ala Val Val Glu Asn Val Pro Pro Leu Arg  
1353/381  
AGC GAC CAC GAG ATC GAT CGG CTG GAG CTG  
Ser Asp His Glu Ile Asp Arg Leu Glu Leu  
1413/401  
TAC AGC ATG CTG GCG ACC TGG AGG CGG CGC  
Tyr Ser Met Leu Ala Thr Trp Arg Arg Arg  
1473/421  
CTG GGA CGC GTG CTC CGC GAC ATG GAC CTG  
Leu Gly Arg Val Leu Arg Asp Met Asp Leu  
1533/441  
CTT TGC GGC CCC GCC GCC CTC CCG CCC GCG  
Leu Cys Gly Pro Ala Ala Leu Pro Pro Ala  
1263/351  
CTA GAC ACT GAT GAC CCC GCG ACG CTG TAC  
Leu Asp Thr Asp Asp Pro Ala Thr Leu Tyr  
1323/371  
TGG AAG GAA TTC GTG CGG CGC CTA GGG CTG  
Trp Lys Glu Phe Val Arg Arg Leu Gly Leu  
1383/391  
CAG AAC GGG CGC TGC CTG CGC GAG GCG CAA  
Gln Asn Gly Arg Cys Leu Arg Glu Ala Gln  
1443/411  
ACG CCG CGG CGC GAG GCC ACG CTG GAG CTG  
Thr Pro Arg Arg Glu Ala Thr Leu Glu Leu  
1503/431  
CTG GGC TGC CTG GAG GAC ATC GAG GAG GCG  
Leu Gly Cys Leu Glu Asp Ile Glu Glu Ala  
1563/451  
AGT CTT CTC AGA TGA  
Pro Ser Leu Leu Arg Stop  
1580  
GGCTGCGCCC CTGCGGGCAG CTCTAAGGAC CGTCCTGCGA 1620  
GATCGCCTTC CAACCCCACT TTTTCTGGA AAGGAGGGGT CCTGCAGGGG CAAGCAGGAG 1680  
CTAGCAGCCG CCTACTTGGT GCTAACCCTT CGATGTACAT AGCTTTTCTC AGCTGCCTGC 1740  
GCGCCGCCGA CAGTCAGCGC TGTGCGCGCG GAGAGAGGTG CGCCGTGGGC TCAAGAGCCT 1800  
GAGTGGGTGG TTGCGAGGA TGAGGGACGC TATGCCTCAT GCCCGTTTGG GGTGTCCTCA 1860  
CCAGCAAGGC TGCTCGGGGG CCCCTGGTTC GTCCCTGAGC CTTTTTCACA GTGCATAAGC 1920  
AGTTTTTTTT GTTTTGTGTT TGTTTGTGTT TGTTTTTAAA TCAATCATGT TACTACTAATA 1980  
GAAACTTGGC ACTCCTGTGC CCTCTGCCTG GACAAGCACA TAGCAAGCTG AACTGTCCTA 2040  
AGGCAGGGGC GAGCACGGAA CAATGGGGCC TTCAGCTGGA GCTGTGGACT TTTGTACATA 2100  
CACTAAAATT CTGAAGTTAA AAAAAAAAAA AAAAGGAATT C 2141



17/17

Fig.10

